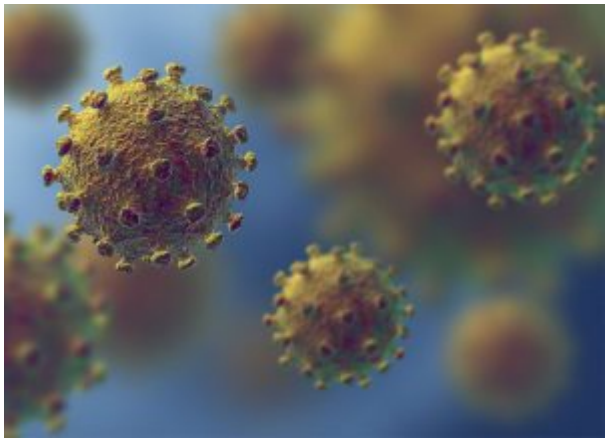
Covid: possibilità di trovare antenato del virus “quasi nulle”



Le chance di rintracciare l’antenato di Covid-19 sono ormai quasi nulle. Questa, in estrema sintesi, è la conclusione a cui giunge un approfondimento pubblicato sulla rivista Nature, in cui si ripercorrono gli sforzi effettuati dalla ricerca per ricostruire le origini della pandemia. Stando alle conoscenze attuali, spiegano i virologi, SARS-CoV-2 potrebbe aver condiviso un antenato con i coronavirus dei pipistrelli più recentemente di quanto precedentemente ipotizzato. Individuare le origini dell’agente patogeno, però, è molto più complesso di quanto si possa immaginare. I virus possono infatti scambiare tra loro frammenti di RNA, attraverso un processo chiamato ricombinazione. In un’analisi presentata durante il World One Health Congress a Singapore, gli scienziati hanno confrontato frammenti di genomi di coronavirus per cercare di individuare le origini di Covid-19. L’indagine suggerisce che alcune sezioni di coronavirus di pipistrello e SARS-CoV-2 condividevano un antenato comune nel 2016, appena tre anni prima dell’inizio della pandemia. Questo lavoro, che non è ancora stato sottoposto a revisione paritaria, restringe l’arco di tempo intercorso tra l’antenato di SARS-CoV-2 originato nei pipistrelli e l’agente patogeno che ha provocato l’emergenza sanitaria globale. I risultati, tuttavia, non contribuiscono alla spiegazione puntuale di come e quando sia avvenuto il salto.

“Le possibilità di trovare un antenato diretto di Covid-19

sono quasi nulle – afferma Edward Holmes, virologo evoluzionista presso l'Università di Sydney – l'agente patogeno che ha raggiunto l'umanità nel 2019 potrebbe essere stato il frutto di una serie di ricombinazioni e mutazioni. È ormai praticamente impossibile ricostruire le origini della pandemia". Dall'inizio della diffusione di Covid-19, moltissimi esperti hanno sequenziato i genomi dei coronavirus dei pipistrelli, esaminando campioni di tessuti conservati nella speranza di individuare l'antenato di SARS-CoV-2, ma tutti gli sforzi si sono rivelati poco proficui. Alcuni hanno anche ipotizzato che il virus sia sfuggito dal Wuhan Institute of Virology, ma questa teoria non è stata convalidata da evidenze scientifiche. Finora sono stati isolati più di una dozzina di virus strettamente correlati al SARS-CoV-2 da pipistrelli e pangolini. Questo approccio ha portato all'individuazione di due parenti stretti dell'agente patogeno: un virus di pipistrello trovato in Laos chiamato BANAL-52, il cui genoma è identico al 96,8 per cento a quello di SARS-CoV-2, e un virus chiamato RaTG13, trovato nello Yunnan, nella Cina meridionale, che condivide il 96,1 per cento del proprio genoma con il responsabile della pandemia. "Per tradurre in arco temporale queste differenze – afferma Spyros Lytras, dell'Università di Glasgow – abbiamo confrontato 18 virus di pipistrello e pangolino strettamente correlati a SARS-CoV-2 e li abbiamo uniti in 27 segmenti, ognuno dei quali ha una storia evolutiva diversa". Per ogni tratto, i ricercatori hanno utilizzato un sottoinsieme più ampio di 167 virus correlati per stimare quanto recentemente SARS-CoV-2 abbia condiviso un antenato comune con il virus considerato. L'analisi ha rivelato che alcuni segmenti condividevano un antenato comune con SARS-CoV-2 solo pochi anni fa, con i frammenti più giovani associati a tessuti di pipistrelli campionati nello Yunnan e nel Laos. "Alcuni frammenti esaminati – conclude Lytras – erano piuttosto corti, il che rende le stime meno affidabili. Questo approccio è stato molto interessante, e potrebbe averci avvicinato un po' alla risoluzione del mistero sulle origini di Covid-19, che

però potrebbero essere troppo complesse da ricostruire”.

Fonte: AGI