



21 mesi di pandemia: come è cambiato il virus?

Una ricerca dell'IRCCS Eugenio Medea e dell'Università degli Studi di Milano analizza la variabilità di 800.000 sequenze di SARS-CoV-2. I dati suggeriscono che tra i fattori alla base delle mutazioni ci siano anche le risposte antivirali delle cellule umane. Lo studio, finanziato da Fondazione Cariplo e Regione Lombardia, è stato pubblicato su [“Briefings in Bioinformatics”](#).

Milano, 17 settembre 2021. La pandemia di SARS-CoV-2 ha innescato uno sforzo internazionale senza precedenti che ha portato al sequenziamento di un numero enorme di genomi virali completi. Questo ha spinto i ricercatori **dell'IRCCS Eugenio Medea**, in collaborazione con i colleghi **dell'Università degli Studi di Milano**, ad analizzare la variabilità di circa **800.000 sequenze di SARS-CoV-2**, il virus che causa il COVID-19, e di altri coronavirus umani, responsabili di banali raffreddori. Questo lavoro è stato reso possibile da finanziamenti di Fondazione Cariplo e Regione Lombardia, che all'inizio della pandemia hanno deciso di promuovere la ricerca sul virus.

I dati ottenuti dagli autori dello studio mostrano che **SARS-CoV-2 e gli altri coronavirus presentano uno spettro di mutazione simile**, cioè tendono ad accumulare gli stessi tipi di mutazioni nucleotidiche (in particolare da citosina a uracile e da guanosina a uracile). Questa caratteristica non è condivisa da altri virus a RNA che infettano l'uomo. Ciò è estremamente importante perché **alcune mutazioni potrebbero consentire ai coronavirus di eludere una proteina antivirale prodotta dalle nostre cellule** e chiamata ZAP (Zinc finger antiviral protein). ZAP è una proteina che inibisce la replicazione dei virus a RNA legandosi all'acido nucleico virale e provocandone la degradazione. Infine, i ricercatori hanno osservato che, **durante i primi mesi di diffusione della pandemia di SARS-CoV-2, la frequenza di alcuni tipi di sostituzione è aumentata**. Questo suggerisce un cambiamento nella pressione selettiva dopo lo *spillover* ed è in accordo con dati che indicano come **la frequenza di alcuni tipi di mutazione (da guanosina a uracile) sia aumentata di 9 volte dopo il salto di specie dal pipistrello**.

In sintesi, i dati suggeriscono che lo spettro di sostituzione di SARS-CoV-2 sia determinato da un'interazione tra diversi fattori e indicano che sarà fondamentale monitorare nel corso del tempo la variabilità genomica di SARS-CoV-2, per comprenderne l'evoluzione sul lungo periodo.