



*Nell'enzima polimerasi Rna-dipendente la mutazione che ha reso differente il virus nei diversi continenti. La scoperta di un gruppo di scienziati americani e italiani guidati da Robert C. Gallo*



*Rudy Ippodrino e Bruna Marini*

Roma,

14 aprile 2020 - Il virus del Covid-19, partito dalla Cina, nei mesi è mutato e diventato più contagioso e infettante una volta arrivato in Europa e nord America. Scienziati dell'Institute of Human Virology (IHV) dell'Università del Maryland guidati da Robert C. Gallo e Davide Zella insieme a Massimo Ciccozzi e Silvia Angeletti dell'Università Campus Bio-Medico di Roma e in collaborazione con Area Science Park di Trieste guidati da Rudy Ippodrino e Bruna Marini hanno infatti individuato una nuova mutazione del virus SARS-Cov-2 nell'enzima polimerasi, relativa a ceppi virali presenti in pazienti europei e del nord America. In particolare, lo studio ha rilevato come la mutazione sia molto frequente nei ceppi analizzati in Europa e nord America, mentre risulta assente

nei ceppi asiatici.

I dati sono stati ottenuti attraverso l'analisi di oltre 200 sequenze genomiche complete presenti nelle banche dati del National Center for Biotechnology Information (NCBI) e della Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) dal dicembre 2019 a marzo 2020.

Con questa scoperta si è potuto differenziare il ceppo asiatico del SARS-Cov-2 da quello europeo e nord Americano. Secondo lo studio, pubblicato sul *Journal of Translation Medicine*, sarebbe dunque possibile la coesistenza di ceppi virali diversi, ciascuno con una diversa strategia di mutazione.

La mutazione in grado di differenziare il ceppo europeo-nord Americano da quello asiatico è avvenuta all'interno della polimerasi Rna dipendente, un enzima funzionale alla replicazione del virus.

“Si tratta di un importante risultato nella direzione di una maggiore conoscenza del comportamento del virus e, in prospettiva, per lo sviluppo di un vaccino specifico e delle terapie più adeguate” ha sottolineato Massimo Ciccozzi, epidemiologo molecolare e direttore dell'Unità di statistica medica ed epidemiologia dell'Università Campus Bio-Medico di Roma.

Questa mutazione può spiegare la rapidità e la maggiore moltiplicazione del virus nei pazienti colpiti in Europa e nel nord America, rispetto all'Asia. La presenza di questa e altre cinque mutazioni già scoperte dal team italiano rappresentano elementi significativi per stabilire il comportamento del virus in Asia, Europa e Nord America. Tali scoperte risultano quindi rilevanti per lo studio di future strategie terapeutiche attualmente in fase di sperimentazione.