



COMUNICATO STAMPA 28/2020

I genomi del virus Sars-Cov-2 non presentano differenze dal ceppo cinese

Uno studio condotto dall'Istituto di biomembrane, bioenergetica e biotecnologie molecolari del Consiglio nazionale delle ricerche (Cnr-Ibiom) di Bari insieme all'Università di Bari e all'Università Statale di Milano, pubblicato su bioRxiv, ha dimostrato una marcata omogeneità genetica dei genomi virali analizzati e provenienti da diverse aree geografiche. I risultati ottenuti non mostrano evidenze dell'emergenza di un ceppo virale più aggressivo di quello cinese originario

Un'analisi bioinformatica comparativa condotta su più di 1100 genomi virali di Sars-Cov-2 provenienti da Cina, America e Europa ha dimostrato una marcata omogeneità genetica di tutti i genomi virali analizzati. L'assenza di evidenze che supportino l'insorgenza di diversi tipi virali più aggressivi del ceppo cinese originario fa sì che la disomogeneità riscontrata nelle diverse aree geografiche sia dovuta alla rapida diffusione di sottotipi virali diversi, importati in maniera indipendente nei diversi continenti. Questi i risultati dello studio condotto da un team di ricercatori associati all'Istituto di biomembrane, bioenergetica e biotecnologie molecolari del Consiglio nazionale delle ricerche (Cnr-Ibiom) di Bari insieme al Dipartimento di bioscienze dell'Università Statale di Milano e al Dipartimento di bioscienze, biotecnologie e biofarmaceutica dell'Università di Bari. Il lavoro, pubblicato in anteprima sulla rivista online *bioRxiv* di Cold Spring Harbor Laboratory (Usa), è stato realizzato con il supporto della piattaforma bioinformatica Elixir del nodo italiano dell'infrastruttura di ricerca europea per le scienze della vita, coordinata da Graziano Pesole ricercatore del Cnr-Ibiom e docente dell'Università di Bari.

“I risultati della ricerca hanno identificato almeno otto sottotipi virali distinti con una diversa prevalenza in differenti regioni del nostro pianeta. Tre distinti sottotipi di virus comprendono più del 70% di tutti i genomi virali finora sequenziati, mentre due soli sottotipi virali annoverano il 72% e il 74 di tutti i virus isolati in Europa e in America. Tutti i sottotipi virali definiti sulla base del confronto delle sequenze del genoma, sembrano avere una comune origine in Cina, anche se provenienti da focolai distinti. Benché ciascun ceppo presenti una sequenza genomica caratteristica, il numero limitato delle variazioni osservate e il fatto che queste sono concentrate in regioni non codificanti proteine, suggeriscono che le differenze tra i diversi genomi non evidenziano un processo di evoluzione del ceppo virale, e che quindi non risultano responsabili dell'origine di un ceppo virale mutato e potenzialmente più virulento. Questo consente di mettere a fattor comune, su scala internazionale, gli studi in corso per mettere in campo approcci terapeutici mirati e vaccini efficaci”, spiega Pesole.

Roma, 14 aprile 2020

La scheda

Ufficio stampa Cnr: Emanuele Guerrini, emanuele.guerrini@cnr.it tel. 06.4993.2644;
Responsabile: Marco Ferrazzoli, marco.ferrazzoli@cnr.it, cell. 333.2796719;
Segreteria: ufficiostampa@cnr.it, tel. 06.4993.3383 - P.le Aldo Moro 7, Roma

Chi: Cnr-Ibiom, Dipartimento di bioscienze dell'Università Statale di Milano, Dipartimento di bioscienze, biotecnologie e biofarmaceutica dell'Università di Bari "A. Moro"

Checosa: Comparative genomics suggests limited variability and similar evolutionary patterns between major clades of SARS-Cov-2; bioRxiv:

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.03.30.016790v1>

Per informazioni: Francesca De Leo: f.deleo@ibiom.cnr.it cell. 392-8537451; Graziano Pesole: g.pesole@ibiom.cnr.it, cell. 3311212317 (*recapiti per uso professionale da non pubblicare*)

Seguici su



Consiglio Nazionale delle Ricerche



 ALMANACCO della SCIENZA

Ufficio stampa Cnr: Emanuele Guerrini, emanuele.guerrini@cnr.it tel. 06.4993.2644;
Responsabile: Marco Ferrazzoli, marco.ferrazzoli@cnr.it, cell. 333.2796719;
Segreteria: ufficiostampa@cnr.it, tel. 06.4993.3383 - P.le Aldo Moro 7, Roma