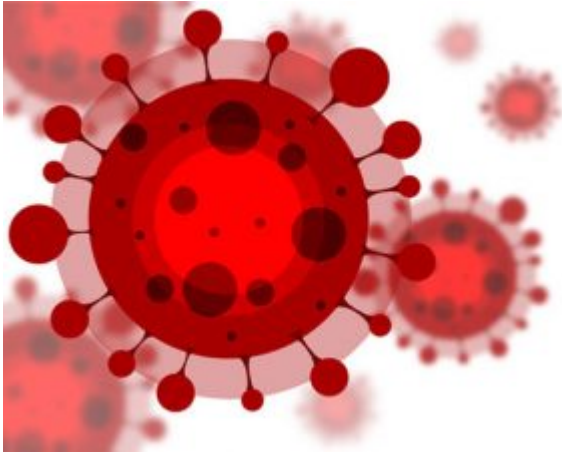


Sull'origine della variante omicron di SARS-CoV-2



Mentre i casi documentati d'infezione da SARS-CoV-2 ammontano a circa 300 milioni su scala planetaria, con oltre 5 milioni e mezzo degli stessi ad esito infausto (poco meno di 140.000 dei quali in Italia), la contagiosissima variante "Omicron" (alias "B.1.1.529")

impazza nei due Emisferi e nei cinque Continenti, preceduta dalla "Delta" ed affiancata dalle neogenite varianti "Deltaomicron" ed "Omicron 2" appena identificate, rispettivamente, a Cipro e in Danimarca.

Secondo uno [studio recentemente pubblicato da ricercatori cinesi sul "Journal of Genetics and Genomics"](#) (Wei et al., 2021), la variante omicron costituirebbe il frutto di un "progenitore" della stessa, che dall'uomo si sarebbe trasferito al topo ("spillover"), che avrebbe a sua volta ritrasmesso il virus mutato in guisa di omicron all'uomo stesso ("spillback").

Per quanto suggestiva ed affascinante – e nella pur totale consapevolezza dei molteplici salti di specie e delle innumerevoli traiettorie evolutive che SARS-CoV-2 potrebbe aver compiuto dalla sua origine fino ai giorni nostri -, l'ipotesi anzidetta (che per gli Autori dello studio in oggetto corrisponde quasi ad una certezza!), non sembra poggiare su solide basi scientifiche.

Se andiamo infatti ad analizzare, dal punto di vista comparativo, il grado di omologia di sequenza esistente fra il recettore virale ACE-2 umano ed il suo analogo murino, saltano

subito agli occhi le eccessive differenze caratterizzanti la molecola in questione nelle due specie in esame, con particolare riferimento alla regione di ACE-2 specificamente coinvolta nell'interazione con il cosiddetto "receptor-binding domain" di SARS-CoV-2, una sequenza di 25 aminoacidi di rilevanza cruciale ai fini dell'adesione e del successivo ingresso del virus nelle cellule ospiti.

Si tratta, pertanto, di una teoria che, pur nel fascino e nella suggestione che la stessa sarebbe in grado di evocare, non sembra godere al momento di sufficiente plausibilita' biologica, cosicche' ulteriori studi si rendono necessari per definire con maggior solidita' e precisione l'origine della variante omicron e, piu' in generale, del virus SARS-CoV-2.

Giovanni Di Guardo

Gia' Professore di Patologia Generale e Fisiopatologia Veterinaria

presso l'Universita' degli Studi di Teramo