

Al Festival della Scienza Medica di Bologna è intervenuto Edward Holmes, Professore di Medicina e Biologia dell'Università di Sidney, il virologo che per primo a gennaio fece conoscere al mondo con un tweet il sequenziamento di SARS-CoV-2: “Da anni denunciavamo, inascoltati, il potenziale pericolo: ora agiamo su ambiente, ricerca, vaccini per prepararci al domani”



Bologna,
17 ottobre 2020 - Era il 10 gennaio del 2020 quando Edward Holmes, uno dei più importanti virologi al mondo, Professore di Biologia e Medicina all'Università di Sidney e Fellow della Royal Society, twittava al mondo la sequenza genomica di SARS-CoV-2, identificata qualche giorno prima dal prof. Zhang Yongzhen del Centro clinico per la salute pubblica di Shanghai.

“Da
anni denunciavamo, sostanzialmente inascoltati, la pericolosità dei salti di specie degli agenti patogeni dagli animali, in particolar modo quelli selvatici, all'uomo - ha detto il prof. Holmes intervenendo alla sesta edizione del Festival della Scienza Medica di Bologna, in programma online fino al 17 ottobre - e il fatto che oggi siamo qui ad incontrarci in streaming dimostra che avevamo ragione”.



Prof. Edward Holmes

Un fenomeno antico, quello delle cosiddette zoonosi, che risale almeno all'epoca romana: le ricerche sui resti ossei di varie necropoli hanno infatti rilevato la presenza del *plasmodium falciparum*, una grave forma di malaria cerebrale, probabilmente passata dai gorilla all'uomo nel continente africano circa 10mila anni fa e poi importata a Roma nell'epoca della sua grande espansione.

“Negli ultimi 30 anni abbiamo assistito a numerosi eventi di questo tipo, da Ebola a Zika a Covid-19: il ‘salto’ avviene nei luoghi in cui animali e umani interagiscono, lì si aprono linee di faglia simili a quelle che si creano nei terremoti tra due zolle”. Holmes, che da molti anni collabora con la Cina, già in un articolo del 2017 aveva dimostrato come i pipistrelli fossero vettori di numerosi Coronavirus, individuati attraverso la metatranscrittomica, un esame genetico che serve a individuare il microorganismo patogeno: una potenziale ‘bomba’ epidemiologica pronta ad esplodere a livello globale.

Oggi di SARS-CoV-2 si conoscono tutti i dettagli dal punto di vista genetico: “sappiamo ad esempio che si tratta di un Coronavirus standard, come tale in grado di causare malattie respiratorie, che sulla superficie presenta una proteina con due caratteristiche insolite, ossia l’inserzione di materiale genetico nuovo e un singolare dominio di legame al recettore, che fa sì che esso si attacchi alla cellula ospite come un meccanismo di chiave e serratura” dice Holmes. Se il pipistrello è il vettore più accreditato, non si esclude anche il possibile ruolo dei pangolini, che vengono commerciati illegalmente e

le cui scaglie sono utilizzate dalla medicina tradizionale cinese.

Cosa

ci dobbiamo aspettare per il futuro? “È un virus che ha dimostrato di non mutare molto rapidamente, e questa è una buona notizia. Probabilmente, una volta aumentata l’immunità nella popolazione, esso tenderà a diventare endemico come altri, un virus stagionale, cosa che non può accadere ora, con una diffusione ancora limitata. Si può invece prevedere che emergeranno sempre più Coronavirus, che potrebbero essere responsabili di pandemie: per questo occorrerà usare cautele, limitando il commercio di specie selvatiche e anche svolgendo azioni di pianificazione sul territorio, piantando alberi che possano tenere gli animali lontani dagli insediamenti abitativi. E poi fare ricerca sui vaccini, per averli a disposizione e fronteggiare le nuove sfide sanitarie che inevitabilmente arriveranno” conclude Holmes.