



MERS: osservate varianti del virus nel passaggio di specie

La selezione naturale ha modificato la proteina che costituisce la “corona” del virus.

**Publicato su *Scientific Reports* uno studio dell'IRCCS Medea,
Università degli Studi di Milano e Università di Milano Bicocca.**

www.nature.com/articles/srep14480

Come è possibile che un virus che infetta i pipistrelli sia stato in grado di trasmettersi ai camelidi e da loro all'uomo? Uno studio, pubblicato dalla rivista ***Scientific Reports*** e nato dalla collaborazione tra l'**IRCCS Eugenio Medea**, l'**Università degli Studi di Milano** e l'**Università di Milano Bicocca**, contribuisce a chiarire la storia evolutiva della MERS, un'influenza altamente letale che dai paesi arabi si sta diffondendo in estremo oriente.

La MERS, o sindrome respiratoria mediorientale da coronavirus, è una patologia causata da un virus identificato per la prima volta in Arabia Saudita nel 2012 (MERS-CoV). Ad oggi il WHO stima 1.569 casi di contagio da MERS-CoV e almeno 554 morti. Il virus causa **una malattia simile alla SARS, ma con un tasso di mortalità più alto e del tutto simile a quello della infezione con Ebola**.

Numerosi studi hanno dimostrato che **l'ospite iniziale del virus MERS sono i pipistrelli**, animali in cui il virus si è evoluto acquisendo la capacità di infettare altri mammiferi, tra cui i cammelli; proprio questi ultimi rappresentano la principale fonte di contagio da cui ha avuto inizio l'epidemia umana.

Ebbene, per comprendere quali siano gli eventi che hanno consentito a virus simili al **MERS-CoV di trasmettersi dai pipistrelli ai cammelli e infine all'uomo**, i ricercatori hanno studiato la **proteina “spike”** che, abbondante sulla superficie dei coronavirus, consente a questi ultimi di prendere contatto con le cellule dell'ospite (l'organismo da infettare). In particolare sono state analizzate le proteine spike del MERS-CoV e di coronavirus simili che infettano pipistrelli, cammelli e uomini.

I ricercatori hanno dimostrato che **la selezione naturale ha promosso la comparsa di varianti in queste molecole, in particolare in due regioni chiamate ripetizioni heptad**. Queste formano un fascio di sei eliche, una sorta di “molla” che riesce ad avvicinare la membrana della cellula ospite con quella virale, promuovendo così l'infezione. Questo dato è interessante perché le varianti identificate alterano la stabilità del fascio di eliche (cioè la modalità con cui le eliche interagiscono tra loro); inoltre, varianti simili sono state osservate durante il passaggio di specie in altri virus che presentano proteine spike con ripetizioni heptad.

*“Questo studio aggiunge un tassello alla già complessa storia evolutiva dei coronavirus – sottolineano i ricercatori - infatti identifica varianti in regioni della proteina spike che contribuiscono al passaggio di specie. **Comprendere i meccanismi di adattamento a nuove specie è importante per consentire, in futuro, di prevedere quali altri virus potrebbero acquisire la capacità di trasmettersi dagli animali all'uomo”**.*

Il risvolto applicativo riguarda **lo sviluppo di trattamenti per bloccare la replicazione del MERS-CoV**; un approccio promettente è infatti basato su piccole molecole che interferiscono con la formazione del fascio di eliche. Il lavoro di *Scientific Reports* suggerisce che tali molecole debbano essere congelate in modo da tenere presente la variabilità delle ripetizioni heptad.