

Esperimento 1:

Obiettivo: studio dell'evoluzione dei ceppi di Sars-Cov-2 nella variante riscontrata nel regno unito

Sequenze utilizzate:

Accession Number	Data rilevamento
OD978165	04/05/2021
OD955523	01/05/2021
OD950678	29/04/2021
OB993359	20/04/2021
MT873892	11/08/2020

Tutti i dati relativi all'allineamento sono disponibili nel file uk.zip

Osservazioni:

Le analisi effettuate nelle data 01/05/2021 e 04/05/2021 risultano essere le più vicine fra di loro, come ci si poteva aspettare, ma risultano simili all'analisi effettuata in data 20/04/2021. Dato il poco tempo fra le analisi questo dato è indicativo però di un fattore: Il virus ha comunque compiuto delle mutazioni in un tempo limitato, cosa che indica una grande velocità di mutazione.

Osservazione più interessante è che le suddette analisi, di cui quella in data 04/05/2021 è la più recente al momento della stesura siano molto più vicine a quella eseguita in data 11/08/2020, prima analisi registrata, che a quella in data 20/04/2021.

Ciò è indicativo anche delle capacità evolutive del virus in termini di distanza evolutiva, dimostrando quindi che non solo è in grado di mutare in fretta, ma anche in maniera notevole.

Quanto detto sottolinea quindi le preoccupazioni espresse a livello mondiale, poiché il virus è in grado di mutare ed adattarsi all'ambiente circostante potrebbe sviluppare resistenza a cure, vaccini e farmaci, rendendone più difficoltosa la debellazione.

Esperimento 2:

Obiettivo: studio dell'evoluzione dei ceppi di Sars-Cov-2 nella variante riscontrata in Brasile

Sequenze utilizzate:

Accession Number	Data rilevamento
MZ397161	16/06/2021
MZ169910	12/05/2021
MT807936	28/07/2020
MT844030	05/05/2020
MT126808	06/04/2020

Tutti i dati relativi all'allineamento sono disponibili nel file `brazil.zip`

Osservazioni:

Se si osserva l'albero si può notare che le due analisi in data 16/06/2021 e 12/05/2021 sono le più simili fra loro, e a loro volta simili a quella datata 06/04/2020, mentre rispetto alle altre due, di cui quella in data 16/06/2021, più recente alla data della stesura, sono sempre più distanti.

Ciò dimostra che nel caso della variante brasiliana, rispetto a quella inglese, si osservano le stesse capacità di mutazione, ma con una maggiore capacità di adattamento all'ambiente circostante, evidenziando l'elevata instabilità del virus e, di conseguenza i pericoli che esso possa rappresentare.

Esperimento 3:

Obiettivo: studio dell'evoluzione dei ceppi di CoronaVirus trasmessi fra i pipistrelli in Cina

Sequenze utilizzate:

Accession Number	Data rilevamento
KU182964	28/04/2016
KY770851	16/03/2020
KY770860	16/03/2020
MG916903	27/03/2019
MW703458	15/04/2021

Tutti i dati relativi all'allineamento sono disponibili nel file bat.zip

Osservazioni:

La prima cosa che va fatta notare riguarda le due analisi eseguite in data 16/03/2020, seppur eseguite nello stesso identico giorno esse dimostrano avere un'elevata distanza evolutiva.

Ciò è sintomo del gran numero di varianti di coronavirus già presenti quando il CoViD-19 ha iniziato a rappresentare un pericolo a livello globale (periodo di inizio della pandemia e del lockdown).

Osservando il rapporto con le altre sequenze, in particolare quella risultata dall'analisi del 15/04/2016 e quella del 15/04/2021 si può dedurre la capacità evolutiva del virus già prima di effettuare una zoonosi e trasformarsi nella variante umana.

Di conseguenza non pare più così strana la capacità di mutazione che è stata riscontrata soprattutto nelle ultime varianti come quella inglese e quella brasiliana

Esperimento 4:

Obiettivo: studio dell'evoluzione dei ceppi di CoronaVirus nelle varianti inglese e brasiliana

Sequenze utilizzate:

Accession Number	Data rilevamento	Luogo rilevamento
MZ397161	16/06/2021	Brasile
MZ169910	12/05/2021	Brasile
OD978165	04/05/2021	Regno unito
OD955523	01/05/2021	Regno unito
OD950678	29/04/2021	Regno unito
OB993359	20/04/2021	Regno unito
MT873892	11/08/2020	Regno unito
MT807936	28/07/2020	Brasile
MT844030	05/05/2020	Brasile
MT126808	06/04/2020	Brasile

Tutti i dati relativi all'allineamento sono disponibili nel file uk-bra.zip

Osservazioni:

Nella parte superiore dell'albero sono presenti solamente sequenze della variante inglese, simili quindi fra di loro, ossia quelle relative alle date 01/05/2021, 04/05/2021 e 20/04/2021, di cui la relazione è stata discussa nell'esperimento 1.

Le restanti sequenze inglesi mostrano una maggiore somiglianza con la variante brasiliana seppur distanti temporalmente come quella inglese del 11/08/2020 e quella brasiliana del 05/05/2020, che sono le più simili, nonostante la differenza temporale di più di un anno.

Ciò dimostra non solo quanto detto negli esperimenti precedenti, ma anche che il virus è in grado di perseverarsi nelle sue varianti e coprire lunghe distanze nella sua evoluzione, diffondendosi facilmente e velocemente, risulta quindi evidente come abbia fatto a diventare l'origine di una pandemia a livello mondiale

Esperimento 5:

Obiettivo: studio dell'evoluzione dei ceppi di CoronaVirus nelle varianti inglese e brasiliana in relazione a due varianti di CoronaVirus riscontrate nel pipistrello in Cina

Sequenze utilizzate:

Accession Number	Data rilevamento	Luogo rilevamento	Ospite
MZ397161	16/06/2021	Brasile	Uomo
MZ169910	12/05/2021	Brasile	Uomo
OD978165	04/05/2021	Regno unito	Uomo
OD955523	01/05/2021	Regno unito	Uomo
OD950678	29/04/2021	Regno unito	Uomo
OB993359	20/04/2021	Regno unito	Uomo
MT873892	11/08/2020	Regno unito	Uomo
MT807936	28/07/2020	Brasile	Uomo
MT844030	05/05/2020	Brasile	Uomo
MT126808	06/04/2020	Brasile	Uomo
MG916904	27/03/2019	Cina	Pipistrello
KU182964	28/04/2016	Cina	Pipistrello

Tutti i dati relativi all'allineamento sono disponibili nel file bat2-uk-bra.zip

Osservazioni:

Osservando l'albero si può notare come le sequenze del coronavirus dei pipistrelli siano molto distanti da quelle umane, soprattutto dato il fatto che le varianti prese in considerazione sono molto distanti temporalmente dalla variante originale del Sars-Cov-2 e dalla variante che ha eseguito la prima zoonosi del coronavirus dei pipistrelli.

Questo è a maggior ragione indicatore, come dedotto dagli esperimenti precedenti, della capacità di mutazione del virus.