

Sequenze genetiche tra scienza ed etica

di Giuseppina Viberti e Germana Zollesi

La notizia è ghiotta, dopo l'annuncio che il ricercatore americano Jesse Bloom, del Fred Hutchinson Cancer Research Center, ha identificato dati che contengono sequenze di Covid-19 che risalgono all'inizio dell'epidemia a Wuhan, epicentro della diffusione del virus in Cina e nel mondo. Sequenze, secondo il ricercatore, che erano state rimosse deliberatamente dall'archivio delle sequenze dei National Institute of Health (Nih) americani. La ragione? Incomprensibile. Il che ha rafforzato in alcuni scienziati l'ipotesi che la Cina abbia qualcosa da nascondere sull'origine della pandemia, mentre per altri, la scoperta di Bloom (fioritura in italiano) non aggiunge nulla alle attuali conoscenze. La conoscenza dei fenomeni rimane una precondizione per giungere alla verità, ma in questo campo non valgono le mediazioni diplomatiche, ma le analisi scientifiche e, poco per volta, si riuscirà a ricostruire cosa è realmente successo in Cina negli ultimi mesi del 2019.

In biologia molecolare una sequenza genetica o sequenza di DNA è una successione di lettere che rappresentano la struttura primaria di una molecola di DNA, con la capacità di veicolare informazioni. In particolare le lettere sono A, C, G e T e rappresentano le quattro basi nucleotidi: adenina, citosina, guanina e timina. Relativamente alla funzione biologica una sequenza di DNA può essere considerata senso o antisenso. L'acido desossiribonucleico (in sigla DNA, dall'inglese DeoxyriboNucleic Acid) è un acido nucleico che contiene le informazioni genetiche necessarie alla biosintesi di RNA (che si viene a formare nel nucleo e trasportato nel citoplasma) e le proteine, molecole indispensabili per lo sviluppo ed il corretto funzionamento della maggior parte degli organismi viventi.

Definizioni e analisi dell'avvenimenti

L'ordine nella disposizione sequenziale dei nucleotidi costituisce l'informazione genetica, la quale è tradotta tramite il codice genetico negli amminoacidi corrispondenti.

Di qui l'importanza della sequenza genetica nel determinare la causa e l'evolversi delle malattie infettive, in ultimo il Coronavirus. Lo studio e gli esami clinici del DNA possono quindi fornire notizie indispensabili sul come si è sviluppato il virus. Fin dagli inizi dell'epidemia sono stati avanzati dubbi sulle origini del virus e come questo si sia propagato. Ad accentuare le polemiche hanno poi concorso controversie diplomatiche che poco sono servite a gestire la pandemia, ma che tanto hanno interessato i dibattiti e le dietrologie.

Già a gennaio del 2020 un gruppo di ricercatori cinesi e australiani pubblicava per la prima volta l'intera sequenza del virus. Fino ad allora si pensava ad un esteso focolaio di casi di polmonite (si parlò dell'anno delle polmoniti, invece il problema era ben più complesso). Il patogeno, sviluppatosi nella città di Wuhan, cominciò ad essere studiato in ogni parte del mondo, e grazie al lavoro di migliaia di laboratori, poco a poco, si è andato a ricostruirne un'identità più precisa: l'individuazione del genoma, composto da quasi 30 mila basi, ha permesso di individuare la proteina *spike* in grado di legarsi in modo estremamente efficace al recettore Ace2, presente nelle vie respiratorie del corpo umano.

Il problema è che, come tutti i virus a RNA, anche Covid-19 è soggetto a rapidi cambiamenti. Il processo di riproduzione/copia adattandosi al nuovo ospite può mutare il suo materiale genetico e le sue caratteristiche in modo del tutto imprevedibile: il susseguirsi di varianti (inglese, sudafricana e brasiliana ed indiana) è solo la punta dell'iceberg. Il nascondere anche uno di questi passaggi (figuriamoci i dati sul paziente zero) rappresenta un grave danno per la conoscenza del fenomeno e la sue possibilità di contrasto.

Il monito dello psichiatra Thomas Stephen Szasz

In realtà, dall'inizio della pandemia, sono più di 4000 le mutazioni della proteina spike rilevate e più di 400.000 sono i genomi Covid-19 sequenziati e archiviati su

GISAID (Global Science Initiative and Primary Source), un database online no-profit per la condivisione di genomi virali, cui contribuiscono 140 Paesi, ma che certamente non esauriscono il numero di sequenze possibili/reali.

Considerata la difficoltà della ricerca dovrebbe essere massimo lo sforzo di sequenziamento genomico (come di tutti gli altri studi) e ancor più importante è la condivisione dei dati disponibili: eticamente anche il solo sospetto che scienziati abbiano cercato di nascondere la verità (o addirittura cancellato dati già resi disponibili, come sembra sia avvenuto) rappresenta una grave sconfitta, su cui la nostra coscienza dovrà riflettere.

Non dimentichiamo l'insegnamento dello psichiatra ungherese del XX secolo Thomas Stephen Szasz: "In origine, quando la religione era forte e la scienza debole, gli uomini confondevano la magia con la medicina; ora che la scienza è forte e la religione debole, gli uomini confondono la medicina con la magia" (ora non rifacciamo gli stessi errori confondendo medicina-politica-diplomazia).