

Sequenziate finora 10 varianti «Una sa aggirare gli anticorpi»

LA RICERCA

VENEZIA Salgono a 10 le varianti sequenziate in Veneto dall'Istituto zooprofilattico sperimentale delle Venezie. Si tratta dell'inglese (ormai considerata dominante) e della "veneta" (individuata solo qui), mentre non c'è traccia della sudafricana. In uno di quei lineage, cioè delle linee di evoluzione scaturite dal prototipo originale di Wuhan, è stata invece riscontrata la presenza di una mutazione ritenuta in grado di eludere l'attività neutralizzante degli anticorpi monoclonali, reputati la nuova frontiera delle terapie anti-Covid. Ma il professor Giorgio Palù, luminare della virologia e presidente dell'Agenzia italiana del farmaco, mantiene la cautela: «Per verificare gli effetti clinici, serve uno studio *in vitro*, su cellule animali e umane. Per questo ho proposto un progetto di ricerca, che sarà presentato nei prossimi giorni».

IL GENOMA

Da mesi, su mandato della Regione, l'Izsv sta monitorando le caratteristiche genetiche e la variabilità del Sars-CoV-2 che circola in Veneto. Nelle ultime settimane è stata effettuata la sequenza del genoma completo di 8 ceppi, identificati nelle province di Vicenza e Treviso tra il 2 e il 21 dicembre anche fra persone arrivate dal Regno Unito, per un totale di 53 campioni analizzati da novembre. I virus decifrati appartengono a 5 diversi lineage, vale a dire varianti, il cui totale dall'autunno sale a 10 e comprende le varianti inglese e "veneta", non la sudafricana.

LA SCOPERTA

Di particolare interesse è quello che tecnicamente viene identificato come "lineage B.1.1.7". Si tratta della variante inglese che è stata localizzata in Gran Bretagna a settembre e in Italia a dicembre, diventata famosa perché sembra essere contraddistinta da una maggiore trasmissibilità. I campioni studiati in Veneto presentano tutte le 17 mutazioni caratteristiche.

Ma a colpire i ricercatori dello Zooprofilattico, diretto da Antonia Ricci, è stata anche un'altra scoperta: la presenza della mutazione N439K in un altro lignaggio, il B.1.258, identificato nel territorio italiano a partire da ottobre. Perché è interessante? «È in grado di evadere l'attività neutralizzante di alcuni anticorpi mo-

noclonali e di anticorpi presenti nel siero di una parte di individui guariti dall'infezione», spiega l'Izsv.

IL PROGETTO

Viene da chiedersi se questa evidenza possa rischiare di compromettere l'efficacia di quei farmaci, che in Italia non sono ancora stati approvati da Aifa, la quale ha però appena lanciato uno studio proprio per verificare «se possono rappresentare una reale opzione terapeutica nella prevenzione della progressione della malattia nei pazienti in fase precoce». Fino al 1° febbraio sono aperti i termini per presentare il protocollo, che dovrà riguardare il confronto almeno fra Eli-Lilly e Regeneron.

Spiega il presidente, e virologo, Palù: «Non basta sequenziare una variante. Bisogna anche vedere se questa è dominante a livello epidemiologico e se clinicamente determina casi più gravi o un'aumentata letalità, il che finora non è successo in nessuna parte nel mondo, dov'è stato piuttosto riscontrato un aumento della contagiosità. Per capirlo occorre uno studio virologico per caratterizzare la presenza o l'assenza di un fenotipo particolare. Come in Gran Bretagna, dove sono state depositate 70.000 sequenze genomiche di Sars-CoV-2, è necessario che anche in Italia ci sia un gruppo di virologi in grado di sequenziare il virus e di studiare la risposta immunitaria, per vedere se gli anticorpi prodotti dal vaccino e dalle persone guarite da Covid-19 siano efficaci nel neutralizzare il virus. Questo progetto mi auguro vedrà presto la luce».

Angela Pederiva

© RIPRODUZIONE RISERVATA



ZOOPROFILATTICO Antonia Ricci

**IL VIROLOGO PALÙ:
«PER VERIFICARE
GLI EFFETTI CLINICI
DELLA MUTAZIONE
SERVE UNO STUDIO
SU ANIMALI E UMANI»**

