

# Piccole costanti mutazioni così il virus cambia abito

DI Ettore Mautone

INDIVIDUATE 7 FAMIGLIE A NAPOLI PRESENTE QUELLA CHIAMATA 20A ZOLLO (CEINGE): «DECISIVO CAPIRE IL RUOLO DELLA SPIKE»

## LO SCENARIO

Come in tutte le buone famiglie anche SarsCov2 ha un proprio albero genealogico fatto di progenitori, capostipiti e progenie di fratelli, cugini, discendenti che provengono tutti dal ceppo di Wuhan. Questo circa un anno fa ha fatto il grande salto di specie dai pipistrelli all'uomo. Da allora il nuovo Coronavirus ha continuato a replicarsi per miliardi di volte sfruttando le cellule umane di cui non può fare a meno (è un parassita). Chiariamo subito: il virus è abbastanza stabile, produce una o due mutazioni al mese e la sua affinità per i recettori umani era già perfetta in partenza. Cambiare troppo non gli conviene. Ciononostante nella banca mondiale del virus si contano oltre 200mila sequenze riconducibili a 6 o 7 famiglie ognuna con piccole variazioni interne poco significative. Il ceppo primario di Wuhan è identificato con la sigla 19 A: dopo essersi diffuso in tutta la Cina ha dato vita a delle varianti.

## LE FAMIGLIE

La prima famiglia discendente del capostipite è stata chiamata 19 B e si è diffusa soprattutto in Asia. Giunta in Europa ha trovato terreno fertile soprattutto nelle zone in cui non è stato praticato alcun lockdown. A briglia sciolta i nuovi figli sono stati chiamati con le sigle 20A, 20B e di recente 20C. Tra queste la più prolifica era il 20B ma a Napoli, per dire, è circolata soprattutto la 20A identificata per la prima volta in primavera dal gruppo di Massimo Zollo, ordinario di Genetica dell'Università Federico II che coordina anche un team di lavoro di ricercatori del Ceinge (Centro di Biotecnologie avanzate di Napoli) e dell'Istituto zooprofilattico del Mezzogiorno. «Al Ceinge - avverte Zollo - nella primavera scorsa abbiamo decodificato la sequenza genetica dei primi 12 virus campani ed isolato il ceppo 20A». In Italia circolano sei sottofamiglie compresa la nuova variante inglese. L'Istituto Zooprofilattico ha poi sequenziato altri 30 virus sempre della stessa famiglia e dunque del tutto identici. «Nell'ambito di questo progetto abbiamo identificato delle spie genetiche umane in grado di identificare i soggetti a rischio di sviluppare complicanze cliniche severe. Abbiamo avviato poi un programma di analisi virale in pazienti positivi ma asintomatici per capire il rapporto tra tipo di virus, sue mutazioni e suscettibilità alla malattia nell'area di Ariano Irpino e del Cilento».

## IL CEPPO INGLESE

A ottobre scorso dalla famiglia 20A è apparsa sulla scena la stirpe inglese, ramo autonomo che ha soppiantato in pochi mesi la famiglia d'origine. Col nome in codice "VUI" e le date di identificazione (2020-12/01) porta fino a 17 mutazioni di cui oltre la metà sulla proteina della corona virale (Spike), la chiave che serve al virus per forzare la serratura delle cellule umane e infettarle. Su essa agisce il vaccino. Una famiglia aggressiva diventata predominante nel Regno Unito, in Danimarca affacciandosi

