

26 Giugno

Il nome delle varianti

Nomina si nescis, perit et cognitio rerum

Linneo

Se non conosci il nome, muore anche la conoscenza delle cose. Dare un nome alle cose è la più grande e seria consolazione concessa agli umani. (Elias Canetti). Una cosa con un nome dà l'idea di una "cosa addomesticata". Il maghetto Harry Potter era convinto che Bisogna sempre chiamare le cose con il loro nome anche se, a volte la paura del nome non fa che aumentare la paura della cosa stessa.

Forse, anche per questi motivi, il primo giugno scorso l'**Organizzazione mondiale della sanità** ha deliberato di cambiare il nome delle varianti del Sars-cov-2 almeno quello comune (la sigla identificativa, per esempio B.1.1.7, sarà invece mantenuto), utilizzando le lettere dell'alfabeto greco in alternativa alla collocazione geografica per evitare *scorrettezze e discriminazioni*.

Al momento, le varianti cui è stata attribuita la nuova nomenclatura sono otto (Alfa, Beta, Gamma, Delta, Epsilon, Eta, Kappa, Lambda); altre, come per esempio la B.1.1.207 identificata per la prima volta in Nigeria a marzo 2020, o quella rilevata in Danimarca a settembre 2020, sono ancora oggetto di investigazione e non hanno ancora un nome proprio. L'Oms ha etichettato in particolare queste varianti come "**variant of concern**", ossia varianti che dovrebbero preoccuparci più delle altre.

Alfa - B.1.1.7

Identificata per la prima volta nel **Regno Unito** il 14 dicembre del 2020 ha causato un serrato rafforzamento del lockdown in terra britannica e un'ulteriore stretta sui controlli alle frontiere, per intenderci. Questa variante del virus è stata trovata più frequentemente nel Sud dell'Inghilterra, e porta con sé ben **23 mutazioni**, un numero relativamente grande, rispetto al ceppo originario di Wuhan. Di queste, 9 interessano la proteina *spike*, e le 14 restanti potrebbero avere a che fare con la capacità del virus di inibire la produzione di **interferone** da parte delle cellule infettate, il che renderebbe in qualche modo il virus *invisibile* al nostro sistema immunitario.

Alfa si è diffusa molto velocemente **negli Stati Uniti e altrove**: uno studio (in *preprint*) ha mostrato che a gennaio i casi di infezioni da variante Alfa raddoppiavano più o meno ogni dieci giorni; sebbene l'ipotesi più accreditata, al momento, sia che i **vaccini** che abbiamo a disposizione sono **efficaci** anche contro questa variante e che la sua mortalità non sia maggiore della variante originale, è abbastanza certo che la sua **contagiosità** sia molto maggiore – addirittura fino al 70% in più, e per questo è stata etichettata come variante preoccupante. "*Alfa si trasmette in modo molto più veloce rispetto alle varianti precedenti*", **ha spiegato Neil Ferguson**, epidemiologo dell'**Imperial College** di Londra, "*il che vuol dire che le misure di contenimento potrebbero non funzionare bene in futuro*".

Non si sa esattamente perché questa variante sia **così contagiosa**: diversi studi sembrano suggerire che potrebbe essere legato al fatto che alcune delle sue mutazioni le permettono di **entrare più velocemente** all'interno delle cellule. Le persone contagiate da questa variante, inoltre, sembrano avere una **maggiore concentrazione virale** nelle mucose dell'orecchio medio e naso e gola rispetto a quelle contagiate dalla variante originale o da altre varianti.

Beta- B.1.351

Identificata pochi giorni dopo la B.1.1.7 in **Sudafrica**, e che proprio con la B.1.1.7 condivide alcune mutazioni. Beta è diventata presto dominante in tutta la nazione, soppiantando l'incidenza di altre varianti nelle province di **Eastern Cape, Western Cape e KwaZulu-Natal**. Come Alfa, non **sembra essere più letale** di altre, ma è certamente **più contagiosa**, il che, ancora, induce a valutare la possibilità, in caso di risalita dei contagi, di introdurre misure di contenimento più forti rispetto a quelle del passato. Ci sono anche delle differenze: a differenza di Alfa, la **variante Beta** sembra essere **più resistente ai vaccini**, soprattutto a causa di differenze piuttosto significative nella struttura della proteina *spike* (i vaccini a mRNA che abbiamo a disposizione, difatti, usano proprio la proteina *spike* per insegnare al corpo a riconoscere e combattere il virus); al momento, comunque, ancora non è chiaro se sarà necessario mettere a punto un **altro vaccino** specifico per questa variante. **Beta** si è diffusa in modo abbastanza significativo, nell'immediatezza della sua scoperta, in almeno cinque altre nazioni (Regno Unito, Finlandia, Svizzera, Giappone e Australia), e ne ha raggiunte poi almeno 80 in tutto il mondo.

Gamma

La **variante Gamma** è stata identificata per la prima volta in **Giappone**, su quattro persone che rientravano da un viaggio in **Brasile**. Si ritiene si sia sviluppata alla fine dello scorso anno in Amazzonia, diventando presto la variante dominante nella regione e nelle città circostanti; a gennaio 2021 aveva già raggiunto diverse parti dell'**Europa** e degli **Stati Uniti**, e oggi si ritiene si sia diffusa in almeno 37 paesi. Diversi piccoli studi sembrano suggerire che questa variante, cugina stretta di Beta, non è particolarmente feroce in termini di sintomi e mortalità, ma, al solito, è **più contagiosa** dell'originale. Porta la mutazione E848K, che coinvolge la **proteina spike** e che quindi, come abbiamo imparato, potrebbe inficiare l'**efficacia dei vaccini**, e altre mutazioni che, almeno teoricamente, potrebbero aiutare il virus a eludere la risposta anticorpale e che quindi potrebbero spiegare la sua alta infettività.

Delta e Kappa

Sono due sottotipi dell'ormai famosa **variante indiana**, rilevata nella nazione asiatica a ottobre 2020 e diffusasi velocemente nel **Regno Unito, Stati Uniti e Israele**. Al momento la B.1.617 (questo il suo nome scientifico) è la variante dominante in **India**, ed è la principale responsabile del mostruoso aumento dei contagi ad aprile e maggio scorso. Il ceppo che include i sottotipi Delta e Kappa porta con sé **due mutazioni**, la E484Q e la L452R: la prima è presente anche in Gamma e Beta, la seconda in Epsilon. Quest'ultima interessa la proteina *spike* e potrebbe rendere il virus **più infettivo**, mentre la prima sembra rendere il virus **meno suscettibile agli anticorpi** sviluppati in seguito a una precedente infezione e forse anche a quelli prodotti dopo la somministrazione del vaccino. Non si sa ancora con certezza cosa possa succedere quando queste due mutazioni sono presenti **in contemporanea** sullo stesso virus: il sospetto è che la loro interazione possa rendere il patogeno ancora **più contagioso**, un particolare che potrebbe, almeno teoricamente, spiegare l'aumento dei casi in India nonostante i dati indicassero che un'alta proporzione della popolazione fosse già guarita e quindi potenzialmente immune. La **variante Delta** sembra inoltre dare luogo più frequentemente a sintomi come **mal di stomaco**, nausea, **perdita dell'appetito**, perdita dell'udito e **dolori articolari**, e addirittura alla **formazione di microtrombi** così gravi da portare, in alcuni casi, alla **cancrena**. La comunità scientifica è abbastanza concorde nel considerare Delta e Kappa come le varianti **più contagiose e pericolose** tra quelle scoperte finora.

Eta- B.1.525

E' stata identificata nel **Regno Unito**: il 15 febbraio scorso, un team di ricercatori della **University of Edinburgh ha riportato** di averla osservata circolare a dicembre 2020. Da quel momento in poi, è stata individuata in almeno 11 nazioni diverse, tra cui Canada, Stati Uniti, Ghana, Danimarca e Australia, e come le varianti Alfa e Beta porta con sé la mutazione E484 sulla proteina *spike* con tutte le conseguenze più o meno note sull'**efficacia dei vaccini**. *“Non sappiamo bene ancora come e quanto velocemente si diffonda questa variante”*, ha spiegato **Simon Clarke**, professore associato di microbiologia cellulare alla **University of Reading**, *“ma è presumibile che diminuisca l'immunità conferita dal vaccino o da infezioni precedenti”*.

Epsilon

Epsilon (B.1.427 e B.1.429) è la variante predominante in **California**, e porta con sé la mutazione L452R, presente anche su **Delta** e **Kappa**. È stata identificata in Danimarca a marzo 2020, e si è diffusa velocemente in molte altre nazioni, tra cui, per l'appunto, parte degli Stati Uniti. Il 25% dei campioni raccolti nel Nord della California tra la metà di dicembre e l'inizio di gennaio conteneva materiale virale ascrivibile a Epsilon, il che equivale a un **aumento dell'incidenza** di oltre sei volte in poco meno di tre settimane. La variante ha dato luogo a **diversi grandi focolai** nella contea di Santa Clara, appena fuori San Francisco; diversi studi recenti, ancora in via di pubblicazione, hanno suggerito che Epsilon è **più infettiva** (40% circa) rispetto ad altre varianti, e che sembra in grado di sfuggire con più efficacia alle difese del sistema immunitario.

Lambda

È l'ultima variante scoperta, in ordine di tempo. Rilevata per la prima volta in **Perù**, si è ora diffusa in oltre 80 nazioni e **continua a mutare**; al momento costituisce il 10% di tutti i nuovi casi di infezione rilevati negli Stati Uniti (la settimana scorsa erano il 6%).

Anche Lambda sembra essere **più trasmissibile** e in grado di causare **simptomi più gravi** rispetto alle altre, anche se sono necessari ulteriori studi per confermare queste ipotesi. L'Organizzazione mondiale della sanità sta osservando il suo comportamento epidemiologico e il suo *“potenziale aumento della resistenza agli anticorpi neutralizzanti”*. Almeno uno dei test sulle PCR approvati dall'OMS non sarebbe in grado di identificare la nuova variante finlandese.

Una nuova variante del coronavirus, denominata **Fin-796H**, è stata identificata nella Finlandia meridionale, stando a quanto riportato in uno studio pubblicato mercoledì **dall'Istituto di Biotecnologia dell'Università di Helsinki**. Attualmente sto revisionando questo lavoro e spero di fare il punto nei prossimi giorni.

Suggerimenti...

Questo rapido aggiornamento dà un'idea di come Sars-cov-2 continui a mutare seguendo una sua logica (logica?) che sembra privilegiare più la sua replicazione, piuttosto che strategie per sopprimerci.

L'impressione che i nomi delle varianti, una volta che sono di uso comune, , diventano rapidamente dei “semplici suoni” (ala, beta, delta...) *la loro etimologia viene sepolta, sotto la polvere dell'abitudine (Salman Rushdie)*

Di fronte alla toponomastica dell'OMS William Shakespeare direbbe che cosa c'è in un nome?

Quella che noi chiamiamo rosa, anche chiamata con un'altra parola avrebbe lo stesso profumo soave, ovvero una variante anche con un nome diverso alla fine del suo percorso avrà influenzato

allo stesso modo la nostra esistenza Umberto Eco nella frase finale del Nome della rosa che cita Bernardo di Cluny Stat rosa pristina nomine, nomina nuda tenemus. L'antica rosa esiste solo nel nome: noi possediamo nudi nomi

L'OMS annuncia etichette semplici e facili da pronunciare per SARS-CoV-2 Varianti di interesse e preoccupazione-2

L'OMS ha assegnato etichette semplici, facili da dire e ricordare per le varianti chiave di SARS-CoV-2, il virus che causa il COVID-19, utilizzando lettere dell'alfabeto greco. Queste etichette sono state scelte dopo un'ampia consultazione e una revisione di molti potenziali sistemi di denominazione. L'OMS ha convocato un gruppo di esperti di partner provenienti da tutto il mondo per farlo, inclusi esperti che fanno parte dei sistemi di denominazione esistenti, esperti di nomenclatura e tassonomia dei virus, ricercatori e autorità nazionali. L'OMS assegnerà etichette per quelle varianti designate come Varianti di interesse o Varianti di interesse dall'OMS. Questi saranno pubblicati sul [sito web dell'OMS](#) .

Queste etichette non sostituiscono i nomi scientifici esistenti (ad es. quelli assegnati da GISAID, Nextstrain e Pango), che trasmettono importanti informazioni scientifiche e continueranno ad essere utilizzati nella ricerca. Sebbene abbiano i loro vantaggi, questi nomi scientifici possono essere difficili da pronunciare e ricordare e sono soggetti a false segnalazioni. Di conseguenza, le persone ricorrono spesso alle varianti di chiamata in base ai luoghi in cui vengono rilevate, il che è stigmatizzante e discriminatorio. Per evitare ciò e per semplificare le comunicazioni pubbliche, l'OMS incoraggia le autorità nazionali, i media e altri ad adottare queste nuove etichette.

Guarda le nuove etichette [qui](#) .