

Varianti del virus Sars-Cov-2:

perché il Regno Unito è sempre un passo avanti?

di Giuseppina Viberti e Germana Zollesi

Da giorni si sente parlare in tutti i media delle varianti virali del Sars-Cov-2, spesso con competenza, ma a volte con enorme superficialità e improvvisazione, con una ricerca spasmodica del sensazionalismo a scapito della comprensione dei fenomeni. Gli esperti concordano che i virus, per un miglior adattamento all'ospite, mutano nel tempo e con le vaccinazioni di massa si cerca di contrastarne la pericolosità (facendogli mancare il terreno su cui prosperare).

Il Regno Unito attraverso la vaccinazione di massa intrapresa è riuscito, per un certo periodo, ad avere pochi casi e pochi morti, ma poi la presenza della cosiddetta variante "indiana" o variante "Delta", secondo la nuova nomenclatura OMS, ha modificato il quadro epidemiologico a tal punto che il premier Boris Johnson ha deciso di non riaprire, come annunciato, tutte le attività il 21 giugno, ma di posticipare il termine prudenzialmente di un mese.

Ma perché il Regno Unito è sempre un passo avanti nel riconoscere i vari tipi di varianti che circolano sul proprio territorio? La risposta è molto semplice nella sua complessità: in Gran Bretagna si sequenziano con regolarità le varianti virali per riconoscerle e cercare tutti i mezzi possibili per contrastarle. La variante Delta al momento è responsabile di 9 contagi su 10 nel Regno Unito, dove sono stati vaccinati oltre 29 milioni di persone con entrambe le dosi di vaccino, ovvero oltre il 55% della popolazione. Questa variante ha un livello di trasmissibilità fra le persone di circa il 60% superiore alle altre varianti (in particolare a quella cosiddetta inglese o Alpha) e sta minacciando anche l'Europa continentale con la

scoperta di un cluster della variante Delta a Strasburgo ed un focolaio a Milano dove ha colpito un vaccinato. Dalle valutazioni inglesi, rimane una protezione dell'80% dopo la prima dose di vaccino e del 95% dopo la seconda, quindi è importante vaccinare con entrambe le dosi.

In Italia il sequenziamento genetico delle varianti virali è scarsamente diffuso per i seguenti motivi:

- È richiesto un sistema di laboratorio comportante investimenti tecnologici complessi e costosi.
- È necessario personale adeguatamente formato.
- È necessario un database informatico regionale/nazionale per raccogliere tutti i dati e analizzarli.

Questi aspetti nel nostro Paese sono stati sempre sottovalutati; non avendo nelle sedi decisionali personale esperto di innovazione tecnologica e dei benefici diagnostici che questa può dare. Chi dirige ha sempre orientato le scelte verso altre decisioni che si sono rivelate (inevitabilmente) miopi: scarso interesse verso l'adeguamento tecnologico, ma grande interesse verso il risparmio, pensando che concentrare molti esami in poche sedi (l'esaminificio) portasse ad un grande risultato economico (dimenticando che non vi sono solo le economie di scala, ma anche le diseconomie di scala); situazione che all'inizio della pandemia ci ha trovati impreparati ed è stato necessario allestire rapidamente in Piemonte oltre 20 laboratori in grado di eseguire biologia molecolare sui tamponi.

Oggi in Piemonte, per decisione politica, è presente un solo laboratorio autorizzato al sequenziamento genetico del virus per un quantitativo di campioni abbastanza contenuto; alcuni laboratori hanno la strumentazione per altre attività diagnostiche, ma non sono autorizzati ad occuparsi del virus Sars Cov-2 e quindi, diversamente dal Regno Unito, dove questa attività diagnostica è diffusa e consente di conoscere come si sta comportando il virus sul proprio territorio, in Italia si sequenziano a campione pochi test con una valutazione statistica della presenza delle varianti.

Il virologo Prof. Pregliasco dell'università Statale di Milano in una recente intervista all'Adnkronos Salute ha dichiarato che “la variante Delta in Italia già

circola. Il dato finora è basso, ma probabilmente è sottovalutata. Adesso è doveroso porre una maggiore attenzione. Il rischio è che in autunno ci sia un rialzo dei contagi, un colpo di coda del virus”. Queste affermazioni ci dovrebbero far riflettere sulla necessità di sequenziare il virus in un numero maggiore di campioni e non sprecare tempo e danaro nell’esecuzione di sperimentazioni con test salivari che già esistono in commercio e sono ampiamente validati o con altri test che non presentano, in questa fase, una grande valenza clinico-epidemiologica ed economica.