

SCIENZA
IN PILLOLE

Cerotto intelligente

Al Mit è stato sviluppato un nuovo tipo di cerotto che sarà impiegato per suturare le ferite interne in modo efficace. A posizionarlo sarà un chirurgo-robot.



Spermatozoi dei ratti

Alcuni spermatozoi dei ratti sono "armati" e perfino in grado di avvelenare i rivali durante la corsa all'uovo. Riuscendo così a fecondarlo per primi.



Cometa assassina

L'oggetto che impattò la Terra 66 milioni di anni fa, cancellando gran parte della vita sul Pianeta (dinosauri inclusi) fu una cometa e non un asteroide. Forse.



AL MICROSCOPIO

ECCO I VACCINI
ATTREZZATI
PER LE VARIANTI

MAURO GIACCA

Gisaid è oggi la principale fonte di informazioni sulla sequenza del genoma di Sars-Cov-2. È un database pubblico (basta registrarsi), fondato nel 2008 per soddisfare il bisogno della comunità scientifica di avere un accesso dedicato alle sequenze delle varianti del virus dell'influenza, uno sforzo coordinato e sostenuto dall'Oms. Nel 2010, il governo tedesco si è offerto di ospitare Gisaid sui propri server, con la collaborazione del Cdc degli Stati Uniti, dell'Agenzia della Ricerca di Singapore e di altre organizzazioni. Dall'inizio della pandemia, Gisaid ha ospitato anche le informazioni sulle sequenze dei diversi isolamenti di Sars-CoV-2; a tutt'oggi sono oltre 450mila le sequenze depositate da tutto il mondo.

Sars-CoV-2 è un virus con il genoma a Rna che, come tutti i virus di questa categoria, va incontro a mutazioni. Un errore nella sequenza genetica solitamente ha due conseguenze: o la sequenza della proteina codificata in quel punto non cambia, e l'errore è quindi irrilevante, o cambia in maniera così drastica che la proteina non funziona più. Questo secondo tipo di mutazione è anche irrilevante, perché il virus mutato non riesce più a replicarsi. Soltanto in casi molto rari un cambiamento della sequenza può produrre una proteina che funziona leggermente meglio, e conferisce quindi un vantaggio al virus. È questo il tipo di mutazione che definisce quelle che oggi chiamiamo le "varianti" del virus.

Su Gisaid, il prototipo delle sequenze di Sars-CoV-2 si chiama 19/Wuhan/WIV04/2019, che corrisponde alla sequenza del virus isolato a Wuhan alla fine del 2019. Questo virus è arrivato da qualche parte in Europa, ma poi ha subito

sviluppato una variante nel gene che codifica per la proteina Spike. Spike è una proteina relativamente lunga, fatta da 1273 amminoacidi (gli amminoacidi sono i mattoncini che si susseguono a formare ciascuna proteina, per Spike, quindi, numerati quindi da 1 a 1273). La variante del virus che si è subito selezionata (e l'unica che ha circolato in Italia sin dall'inizio) porta un cambiamento dell'amminoacido nella posizione 614: l'amminoacido D (acido aspartico) è diventato G (glicina). Questa mutazione D614G rende il virus circa 8 volte più efficace a diffondersi rispetto al virus cinese originario. La variante del virus "inglese" (perché è stata descritta la prima volta in Inghilterra, ma secondo Gisaid circola attualmente in almeno 84 paesi), oltre a

D614G porta altre 7 mutazioni di Spike (oltre ad altre 9 in diverse regioni del genoma), quella sudafricana 8, quella brasiliana 10. Al massimo, dunque, in queste varianti di Spike risultano cambiati solo 8-11 amminoacidi sui

1273 totali (meno dell'1%). I dati più solidi sulla capacità di diffusione di queste varianti del virus sono quelli disponibili per la variante "inglese", che mostrano come questa avrebbe una capacità di diffondersi del 30-40% superiore a quella del virus con la mutazione D614G da sola. Ovvero se poniamo la capacità di diffusione del virus con D614G a 1, la variante "inglese" si diffonde con una capacità di 1,3-1,4. Una differenza importante per l'epidemiologia del virus, ma di poco valore per il problema del contagio. Si doveva stare lontani dagli altri e portare una mascherina prima, come si deve stare lontani dagli altri e portare una mascherina ora. Nulla di essenziale cambia.

Anche i vaccini portano le loro variazioni della proteina Spike. Quelli di Pfizer e



Moderna hanno due amminoacidi mutati (K986P and V987P), quello della Janssen/Johnson&Johnson quattro (R682S, R685G in aggiunta ai due precedenti). Il motivo di introdurre mutazioni nella sequenza dei vaccini è quello di impedire che Spike si attivi quando viene iniettata, lasciandone intatto soltanto il potere immunizzante. La sequenza di Spike del vaccino di AstraZeneca invece corrisponde a quella della proteina originale.

Si stima che il nostro sistema immunitario produca anticorpi che riconoscono sequenze che vanno da 9 a 22 amminoacidi ciascuno, anche non contigue ma vicine quando la proteina assume una struttura tridimensionale. Una proteina grande come Spike con ogni probabilità può quindi stimolare la produzione di decine o anche centinaia di anticorpi diversi, e altrettanti tipi di linfociti in grado di distruggere le cellule infettate. La probabilità che le poche mutazioni delle varianti del virus possano inattivare la risposta immunitaria ai vaccini è quindi bassa. Concordando con questa osservazione i dati disponibili sulla capacità dei sieri delle persone vaccinate con Pfizer, Moderna, e AstraZeneca di bloccare, in laboratorio, l'infezione da parte delle varianti inglese e brasiliana e anche di quella sudafricana, anche se con relativamente minore efficacia. L'unico dato contrastante viene da uno studio postato su internet sulla presunta mancanza di efficacia clinica del vaccino AstraZeneca in Sudafrica. Lo studio, non ancora revisionato criticamente e pubblicato, è stato tuttavia sufficiente perché il governo sudafricano blocchi la somministrazione di questo vaccino. Poco male, perché la versatilità di questi vaccini genetici è tale che basta soltanto cambiare la loro sequenza, in questo caso utilizzando quella della variante sudafricana. AstraZeneca ha già iniziato a farlo all'Università di Oxford. —

© RIPRODUZIONE RISERVATA

PARLA LA DOCENTE DELLA SISSA TALLACCHINI

«Con la pandemia
nuovo rapporto
tra pazienti e salute»

L'esperta: abbiamo riscontrato una presa di responsabilità individuale molto forte grazie alle autocertificazioni e alle forme di isolamento

Nel nostro Paese la campagna vaccinale è iniziata il 27 dicembre scorso con la distribuzione delle forniture delle dosi di Pfizer-BioNTech e Moderna, e la raccomandazione dell'Aifa di somministrare il vaccino di AstraZeneca alle persone tra i 18 e i 55 anni e senza patologie, fascia d'età ampliata fino a 65 anni con una circolare recentissima del 22 febbraio scorso. L'arrivo del vaccino era molto atteso in Italia e nel resto del mondo, perché al momento è considerato il modo più efficace per fermare la pandemia da coronavirus. Dopo la primissima distribuzione di 9.750 dosi, il 30 dicembre Pfizer ha consegnato la prima partita di dosi (469.950) prevista per l'Italia dal contratto firmato con l'Unione Europea. Da quel giorno le regioni, che nel nostro Paese gestiscono la sanità, hanno avuto a disposizione una quantità di vaccini sufficiente a iniziare la campagna vaccinale che prevede in tutto 4 fasi. In Fvg attualmente la campagna si trova ancora in Fase 1 (personale sanitario, case di riposo, cittadini ultraottantenni), e si vaccinano contemporaneamente anche alcune categorie essenziali (forze di polizia e istituzioni educative).

L'aspetto interessante di ciò che sta accadendo è che, anche se si è posta enfasi sulle incertezze e tutti i possibili effetti collaterali, a fronte di una necessità ben indivi-

duata, la risposta dei cittadini è stata di adesione molto forte. «A fronte di questa incertezza - commenta Mariachiara Tallacchini, docente di scienza e diritto del Master in Comunicazione della Scienza "Franco Pratico" della Sissa - i cittadini hanno risposto molto bene, come a dire lo sappiamo ma in questo momento bisogna aderire all'unica possibilità che seppure nel tempo ci possa portare fuori dalla pandemia. Questo è un punto molto importante della relazione tra scienza e democrazia. Quando vengono dette le cose in modo chiaro e accurato - prosegue l'esperta - anche se ciò che viene comunicato sono incertezze e potenziali rischi, a fronte di una necessità ben individuata, la risposta dei cittadini è molto forte e positiva. Quando invece si cerca di eliminare i dubbi, rassicurando esageratamente, si può creare l'effetto contrario. C'è dunque un vantaggio concreto nel coltivare un dialogo trasparente con i cittadini». La pandemia ha segnato un nuovo rapporto tra gli italiani e la Salute, segnata dalla consapevolezza individuale. «Una presa di responsabilità individuale, si pensi a tutte le autocertificazioni o gli isolamenti volontari, sono stati un enorme affidamento su conoscenza e responsabilità al singolo cittadino. La strada maestra da intraprendere è un tipo di comunicazione trasparente tra esperti, scienziati, politici e cittadini per avere un adeguamento dei comportamenti individuali in un certo senso naturale a ciò che sembra essere una scelta responsabile condivisa».

PROGETTO DI RICERCA E INNOVAZIONE

Ricostruzione dei tessuti:
nuova via con tecnologie in 3D

«Nel corso della vita - spiega Anna Testa di Promoscienze - diverse parti del corpo possono danneggiarsi, si può intervenire con un approccio rivoluzionario»

La rigenerazione di parti complesse del corpo fatte da molteplici tessuti è l'obiettivo di InterLynk, un nuovo progetto europeo collaborativo di ricerca e innovazione, appena partito, che si pone

l'ambizioso traguardo, da raggiungere entro quattro anni, di trasformare radicalmente il design e la fabbricazione dei dispositivi 3D utilizzati in medicina rigenerativa come impianti per promuovere la formazione di nuovo tessuto.

Finanziato dal programma Europeo Horizon 2020, fondato sulla collaborazione di otto partner europei, tra cui tre università, quattro

PMI e un'organizzazione di ricerca e sviluppo tecnologico. Portogallo, Germania, Olanda e a rappresentare l'Italia, Trieste con Promoscienze, azienda insediata in Area Science Park, nata nel maggio 2004 come spin-off della Sissa - Scuola Internazionale Superiore di Studi Avanzati di Trieste e fondata da un gruppo di ricercatori che si occupa della predisposizione e l'attuazione di strategie

e piani di comunicazione, disseminazione e sfruttamento dei risultati nell'ambito di progetti internazionali di ricerca.

«Nel corso della vita - spiega Anna Testa di Promoscienze - diverse parti del corpo possono danneggiarsi gravemente a causa di malattie, traumi o lesioni. A volte, sostituire o ricostruire la parte danneggiata può rivelarsi il modo migliore, e in certi casi l'unico, per risolvere il problema. L'anatomia del corpo umano, però, può essere molto complessa - prosegue - i sistemi muscoloscheletrici e quelli osteoarticolari, per esempio, sono caratterizzati da complicate architetture di molteplici tessuti, dove si interfacciano tessuti con carat-

teristiche biologiche e meccaniche dissimili, come quello duro delle ossa, quello più molle della cartilagine e quello fibroso di legamenti e tendini.

«L'approccio di InterLynk è rivoluzionario - commenta Testa - perché per la prima volta vengono affrontati e trattati in maniera sinergica aspetti fondamentali e limitanti dello sviluppo di scaffold, impalcature temporanee, per la rigenerazione di sistemi complessi, ovvero la ricostruzione di strutture multi-tessuto. Diverse parti del corpo sono caratterizzate dalla presenza di tessuti diversi che si interfacciano e si interconnettono. Le articolazioni ne sono un esempio - conclude - e quando si dan-

neggiano la loro ricostruzione è molto complessa perché la maggior parte dei sistemi attualmente disponibili non riescono a riprodurre o a stimolare la rigenerazione in maniera armonica delle diverse parti coinvolte danneggiate». Un team multidisciplinare con esperienza in scienza dei materiali, biomeccanica computazionale, ingegneria dei tessuti, biologia e medicina rigenerativa, collaborerà dunque per espandere le frontiere della bioprinting, ovvero la stampa 3D applicata alla medicina per la rigenerazione dei tessuti. Il progetto InterLynk ha l'obiettivo di sviluppare nuove soluzioni per la rigenerazione di sistemi multi-tessuto complessi». L.M.