



## Il Pd e una cupa tentazione: la scorciatoia giudiziaria su migranti e identità al nord

Per governare l'immigrazione e sedurre il partito del pil, il Pd non può limitarsi a chiedere le dimissioni di Attilio Fontana e a scommettere sul processo a Salvini. Indagine sui due nuovi tabù della sinistra

Via giudiziaria no, grazie. Nella vivacissima estate di passione in cui proverà a districarsi la politica italiana, tra gestione della pandemia, progetti per il recovery fund, campagna per le regionali, ritorno dell'immigrazione, polemiche sui barboncini, sovranisti a processo e scazzottate tra alleati di governo, c'è un doppio tema identitario con cui l'unico partito dotato di calzoncini lunghi all'interno dell'esecutivo dovrà fare i conti. E i temi in questione coincidono con due questioni chiave, politicamente vitali. Il primo tema ha a che fare con la gestione dell'immigrazione, il secondo tema ha a che fare con la gestione della questione settentrionale. I due temi possono apparire come molto distanti l'uno dall'altro, ma presentano una pericolosa caratteristica comune, che se presa sotto gamba rischia di mortificare il profilo riformista del Pd: la tentazione di affrontare i due temi percorrendo la suicida via della scorciatoia giudiziaria. Sul primo punto la questione è chiara ed è fin troppo scontata e non ci vuole molto a capire che il Pd oggi si trova di fronte a un bivio importante. Da una parte c'è la possibilità di trasformare il processo a Salvini, sul caso Open Arms, in una formidabile arma per aggredire il trucismo con le armi della giustizia mediatica, trasformando così il senatore della Lega non semplicemente in un politico irresponsabile ma più direttamente in un furfante fino a prova contraria.

(segue a pagina quattro)

## Migranti? Dritti al sodo, senza toni di bandiera

La questione mediterranea non può tornare a essere un tema di battaglia ideologica e speculazione bieca. La svolta che serve ha due dimensioni: Europa e integrazione. Smontare la Orfini's list

Matteo Orfini è un parlamentare del Partito democratico, già suo presidente, polemico con il gruppo dirigente, come il sindaco di Bergamo e tanti altri. Non ci fosse, un'opposizione interna, il Pd dovrebbe inventarla, il che sarebbe imbarazzante. Invece c'è. Invoca maggiore fermezza con l'alleato di governo grillino, esige identità e visione, critica alcuni aspetti del lavoro di Conte e dei suoi ministri, anche con asprezza, soprattutto pretende che si azzeri senza indugiare la brutta esperienza del Conte1, il governo con il senatore Salvini all'epoca, mai tramontata peraltro se non "in name", del trucismo.

Uno dei cavalli di battaglia di Orfini e di altri è la relazione dell'autorità di governo con l'immigrazione clandestina, e se vogliamo l'espressione è anche impropria. La mobilità transfrontaliera è stata per alcun tempo bloccata dalla pandemia, con ragioni evidenti, plateali, irrecusabili. La brutta faccenda ha coinvolto cinesi, est europei, americani, brasiliani. Per non soffocare il turismo e lo scambio, decisive leve di vita economica e di lavoro per persone e imprese, il blocco si è via via attenuato, ma non è finito, con provvedimenti in reciprocità di cui il gruppo di Shengen dell'Unione europea è stato all'avanguardia.

(segue a pagina quattro)



# VIAGGIO AL CENTRO DELLA PANDEMIA

Mutazioni genetiche, oscure caverne dell'Asia, caso, caos, mercati cinesi in città affollate, errori politici, impreparazione e superdiffusori ignari. Meno fuffa, più fatti. Indagine anti demagogica sulla nascita e sulla diffusione di un virus che ha contagiato il mondo e non è ancora stato sconfitto

di Enrico Bucci

Preambolo. Passeggiata darwinista fra atomi ed elettroni. In molti sappiamo che qualunque organismo - virus compresi - contiene al suo interno qualcosa che chiamiamo genoma, fatto di DNA o RNA, il quale determina le proprietà di quell'organismo. Sappiamo pure, forse in maniera un po' confusa, che se il genoma di un organismo cambia, cioè se muta, allora lo stesso organismo cambierà; ed è per questo, tutto sommato, che le parole "mutante" o "geneticamente modificato" ci fanno così paura. In realtà, la mutazione è il motore dell'evoluzione naturale, perché la produzione di tante varianti a ogni generazione di una data specie permette alla selezione naturale di agire, per mezzo

di quel complesso di vincoli ambientali ed ecologici che sfavoriscono alcune varianti e ne favoriscono altre, permettendo solo a queste ultime di riprodursi, e così cambiando di generazione in generazione il genoma di un'intera specie.

Ma cosa causa la mutazione del materiale genetico?

La principale causa di mutazione è la natura, vale a dire la chimica stessa di DNA e RNA. L'informazione che specifica come sia fatto un organismo e come funzioni è infatti per gran parte scritta usando quattro lettere chimiche, le quattro "basi nucleotidiche" che compongono il genoma di tutti gli organismi.

Siamo immersi in quella che è stata definita "virosfera": un inconcepibile numero di diverse varianti individuali di decine di migliaia di virus

certi atomi di carbonio, idrogeno, ossigeno e azoto legati fra di loro a formare un composto chimico ben definito. Queste basi sono agganciate tra di loro in una lunghissima sequenza lineare se indichiamo ciascuna base con una lettera, formano una "stringa di testo" che corrisponde al codice genetico di un dato organismo.

Quando un organismo semplicissimo come un virus deve produrre una copia di sé stesso

(deve cioè riprodursi), copia innanzitutto il proprio materiale genetico, cioè la propria particolare sequenza di basi di DNA o RNA, che poi viene letta per produrre le altre componenti del virus, cioè delle proteine che si auto-assemblano e impacchettano il genoma generando un nuovo virus.

Tuttavia, durante il processo di copia del genoma di un virus (o di qualunque altro organismo), può accadere spontaneamente una cosa imprevista: una delle lettere della sequenza che si sta copiando può essere sostituita con una lettera diversa, può cioè mutare.

Questo avviene perché, per breve tempo, si può avere che i protoni e gli elettroni di una certa base assumono una disposizione diversa nello spazio, la quale assomiglia a quella di una base diversa dall'originale; il che induce in errore il processo di copia, tratto in inganno dalla nuova (e temporanea) forma assunta dalla base nucleotidica che deve essere copiata.

Cosa governa questa temporanea trasformazione di una "lettera" del codice genetico in qualcosa capace di indurre un errore di copia?

Il caso, nel senso più vero e letterale del termine. Si tratta infatti di un fenomeno determinato dalla meccanica quantistica, ed è di natura puramente probabilistica; per cui possiamo affermare che, alla base della mutazione degli organismi viventi, troviamo anche il puro caso quantistico.

Poiché questo processo può generare infinite varianti casuali, organismi che si ripro-

ducono nello spazio di pochissimo tempo un numero innumerevole di volte, come i virus, danno rapidamente origine a una popolazione estremamente varia di individui con diverso codice genetico e quindi con capacità leggermente diverse fra loro.

Se qualcuna di queste piccole differenze fornisce un vantaggio in termini di numero di copie di sé stesso che un virus (o qualunque altro organismo) può lasciare al mondo, ecco che nella successiva generazione ci saranno più copie di quel particolare mutante, rispetto ad altri, come Darwin, centocinquanta anni fa, ha spiegato.

Ed ecco perché, letteralmente, siamo immersi costantemente in quella che è stata definita "virosfera": un

La virosfera muta e produce scommesse evolutive. Qualche variante supera la selezione naturale, ed ecco che un virus si espande

per nostra fortuna - adatti a colonizzare l'organismo umano, e soprattutto ancor meno sconosciuti al nostro sistema immunitario.

Una virosfera che continuamente muta e produce nuove scommesse evolutive, fra cui qualche variante vince di tanto in tanto la lotteria della selezione naturale, dando origine a una espansione rapidissima di qualche particolare virus: se questo avviene colonizzando ospiti umani, la chiamiamo pandemia.

(segue a pagina due)

Enrico Bucci è Adjunct Professor presso la Temple University di Philadelphia (dove conduce attività di ricerca sulla biologia dei sistemi del cancro). Ha fondato una piccola azienda dedicata all'analisi dei dati scientifici. Dall'inizio della pandemia firma sul Foglio la rubrica "Cattivi scienziati", che è anche il titolo di un suo libro (Add Editore, 2015).

# DIAMO I NUMERI

**+ 23 per cento**

E' l'aumento dei casi positivi in Italia nel periodo 22-28 luglio, secondo i dati diffusi dalla Fondazione Gimbe, che settimanalmente aggiorna in modo indipendente le tendenze relative alla pandemia da Covid-19.

**- 18,4 per cento**

A fronte di un lieve aumento dei ricoverati in reparti ordinari (+2,3 per cento), nell'ultima settimana sono calati sensibilmente i ricoveri nelle terapie intensive, da nord a sud.

**133**

I migranti positivi ai test effettuati presso l'ex caserma "Serena" nel trevigiano. Si tratta per lo più di persone totalmente asintomatiche, hanno spiegato i vertici della Regione Veneto.

**40 anni**

E' l'età media dei positivi al tampone oggi in Italia. Col passare dei mesi, infatti, il dato anagrafico si è abbassato notevolmente. "Succedeva anche prima che ci fossero casi tra questa categoria di cittadini, ma allora i test servivano per fare diagnosi. Ora abbiamo avviato una fase di screening e vediamo il vero volto dell'epidemia, che coinvolge anche i giovani", ha detto il professor Andrea Crisanti.

**4 milioni**

Sono gli inglesi interessati dalle nuove restrizioni ai movimenti decise dalle autorità per far fronte alla recrudescenza della pandemia. I provvedimenti impediscono alle persone appartenenti a gruppi famigliari diversi di incontrarsi al chiuso nella Greater Manchester, nel Lancashire orientale e nel West Yorkshire.

**4 euro**

E' il prezzo medio di vendita in farmacia delle mascherine, introvabili durante il picco della pandemia. "I prezzi delle mascherine Ffp2 sono crollati: da un costo medio di circa 8 euro, oggi le vendiamo anche a 4 euro. Perché c'è meno richiesta, ma anche perché è molto aumentata l'offerta rispetto ai primi mesi di penuria", ha detto il presidente di Federfarma, Marco Cossolo. Una timida ripresa si è registrata nell'ultima settimana.

**8**

Le regioni e province autonome di Trento e Bolzano in cui l'indice Rt è stimato superiore a 1, secondo il rapporto settimanale dell'Istituto superiore di sanità. Oltre agli enti del Trentino Alto Adige, si tratta di Campania, Sicilia, Veneto, Emilia-Romagna, Lazio e Liguria.

**0,98**

L'indice Rt stimato per l'Italia nell'ultima settimana. Inferiore, dunque, di poco all'unità, considerata soglia d'allerta. "Il numero di casi di Covid-19 nel nostro paese è in lieve aumento anche se resta comunque contenuto", ha detto il professor Gianni Rezza, direttore generale della Prevenzione dell'Istituto superiore di sanità.

**1.500**

I nuovi casi, in media, che si registrano quotidianamente in Spagna, il paese europeo più colpito dalla nuova ondata pandemica (benché le autorità locali neghino che si tratti di una nuova fase). La Catalogna resta la regione più colpita, ma negli ultimi giorni sono state accertate migliaia di positività anche a Madrid. Preoccupazione dei paesi confinanti, dalla Francia al Portogallo.

**15°**

E' la posizione occupata dall'Italia nella speciale classifica dei paesi che, nel mondo, hanno contato più casi positivi al Covid-19. Sul podio, gli Stati Uniti seguiti dal Brasile e dall'India. In Europa, prima del nostro paese, ci sono la Gran Bretagna e la Spagna. L'Italia è invece al sesto posto per quanto riguarda il numero dei decessi.

**736**

I focolai attualmente attivi in Italia secondo il monitoraggio settimanale delle autorità sanitarie. Si tratta in molti casi di cluster dovuti a casi "d'importazione". Non solo migranti, ma anche lavoratori stranieri recatisi nel proprio paese e tornati in Italia da qualche settimana.

**1.000**

Il numero di nuovi casi accertati a Tokyo lo scorso mercoledì. Mai, neppure nella fase più critica della pandemia, era stata superata tale soglia.



## Dalle caverne al mondo

*Il "pendolarismo" dei pipistrelli, i raccoglitori di guano nelle grotte del sudest asiatico e il ruolo determinante del caso all'origine della pandemia di Covid-19*

(segue dalla prima pagina)

### Atto I: oscurità

Nel nostro pianeta esistono ambienti in cui prospera una vita molto diversa da quella a cui siamo abituati, che fonda la sua esistenza su risorse specifiche, disponibili in abbondanza in quegli ambienti, ed è limitata dall'assenza di altre risorse, quali per esempio la luce del sole.

Fra questi, uno degli ambienti che ha dato origine a un ecosistema fra i più distanti rispetto a quelli cui siamo abituati è quello delle ampie caverne che si trovano nel sudest asiatico, in molte e diverse regioni.

Queste caverne, molto vaste e spesso interconnesse, costituiscono un ambiente insolito, ove poche specie animali, molto particolari, convivono con funghi e microorganismi super specializzati, mai visti all'esterno e spesso unici di una determinata caverna. Si tratta di un ecosistema complesso, che basa la sua sopravvivenza su un apporto primario di risorse alimentari dall'esterno: tra queste, il guano generato ogni giorno da migliaia di pipistrelli che affollano le caverne, il quale rappresenta

Nel 2009, anni dopo l'emersione della Sars, era chiaro che luoghi contenenti migliaia di pipistrelli potevano costituire la fonte di una serie di nuove, pericolose infezioni virali, in grado di contagiare la popolazione umana su scala anche ampia, con effetti imprevedibili

il modo principale - insieme ai cadaveri di pipistrello - con cui risorse nutritive altrimenti non disponibili raggiungono anfratti anche remoti dalla superficie. A partire dal guano e dai pipistrelli in decomposizione, grazie all'opera di batteri e funghi specializzati, parte una catena alimentare che nutre insetti, aracnidi, vertebrati come anfibi e pesci specializzati, e persino alcuni crostacei (per la precisione degli isopodi).

Questa diversità di microorganismi e animali sostiene, a sua volta, una enorme varietà di virus mai osservati prima, i quali sono ben adattati per parassitare tutte le specie - dai batteri ai pipistrelli - frequenti nell'ecosistema sotterraneo. Naturalmente, specie parassitate particolari come quelle delle caverne hanno parassiti virali particolari, con i quali, nel corso di millenni, sono giunte all'equilibrio (pena l'estinzione).

Di continuo, come abbiamo visto all'inizio di questa breve discussione, si producono infiniti nuove varianti di tutte le tantissime specie di virus che abitano in una caverna; e di continuo qualcuna di queste, per qualche impercettibile variazione vantaggiosa, prende il sopravvento temporaneo sulle altre, colonizzando più ospiti della caverna in cui risiede di

quanto riescano a fare le altre varianti. Questi esperimenti evolutivi, che avvengono nel ventre della terra, non costituirebbero alcun problema per gli organismi esterni alle grotte o presenti in grotte diverse, se non fosse per un punto cruciale: la possibilità di essere trasportati fuori da una classe particolare di ospiti.

I pipistrelli hanno una vita da pendolare, e a ogni crepuscolo sciamano a migliaia al di fuori delle caverne per cercare il loro cibo.

Questo significa che, ogni giorno, tutti gli organismi che vivono in una vasta area al di fuori delle caverne frequentate dai pipistrelli, e per le specie che migrano in aree ancora più ampie durante le migrazioni, sono letteralmente esposti a un bombardamento di guano di pipistrello che "consegna" gli ultimi esperimenti evolutivi in fatto di virus, sorti nelle varie caverne ove qualche mutazione ha casualmente fatto emergere una nuova variante. Inoltre, quando qualche pipistrello viene catturato da un predatore, ai virus che trasporta si offrono nuove occasioni di colonizzare una specie diversa; e qualche variante, per caso, potrebbe avere la "dotazione genetica giusta" per sopravvivere almeno temporaneamente in una nuova specie.

### Atto II: la miccia

Nel 2009, anni dopo l'emersione della prima pericolosa zoonosi da coronavirus dalle caverne del Guangdong in Cina, ovvero la SARS, era ormai chiaro che caverne contenenti migliaia di pipistrelli potevano costituire la fonte di una serie di nuove, pericolose infezioni virali, in grado di contagiare la popolazione umana su scala anche ampia, con effetti imprevedibili.

Per questo motivo, gli Stati Uniti finanziarono attraverso una loro agenzia (USAID) un progetto di ricerca di ampio respiro e lunga durata, volto all'identificazione di virus potenzialmente pericolosi: il progetto PREDICT.

Questo progetto, ancora attivo e rifinanziato nel 2020 proprio in seguito all'attuale pandemia, ha addestrato oltre 6.800 persone, sia per scopi di ricerca che per scopi di sorveglianza epidemiologica; ha campionato in maniera sicura oltre 164.000 animali e persone per rilevare zoonosi emergenti; ha attrezzato con dotazioni di biosicurezza oltre 60 laboratori nelle zone giudicate a più alto rischio di emersione di zoonosi.

Grazie a questo sforzo, oltre a poco più di 200 virus già noti, sono stati identificati quasi mille nuovi virus, precedentemente sconosciuti alla scienza, tra cui alcuni virus pericolosi quali due varianti di Ebola (Bombali e Zaire), il virus Marburg e molti coronavirus collegati a MERS e SARS-CoV-1.

Tra le prime, importanti acquisizioni portate alla luce dai ricercatori di PREDICT, una merita una menzione importante, perché per la maggior parte sconosciuta al pubblico: non sono solo i pipistrelli che escono ogni sera

dalle loro caverne, e a disseminare gli esperimenti evolutivi che avvengono nelle caverne in giro per le aree da essi frequentate.

Sebbene i ricercatori entrino a raccogliere campioni nelle caverne dei pipistrelli rispettando protocolli molto severi di biosicurezza, vale a dire bardati come astronauti e passando attraverso vari passaggi di disinfezione all'uscita, in realtà i contatti diretti tra pipistrelli e loro virus e esseri umani sono estremamente frequenti e molto più antichi di quel che si immaginasse.

Questo perché, in tutto il sudest asiatico, il guano di pipistrello costituisce un'importante risorsa economica per le popolazioni locali.

Per esempio, in Cambogia, ove il guano di pipistrello è considerato "oro nero", esso viene raccolto sia direttamente nelle grotte, da appositi minatori, i quali a mani nude e senza nessuna protezione riempiono sacchi della preziosa merce, sia stendendo delle reticelle al di sotto delle rotte frequentate dai pipistrelli, per raccogliere il guano da essi rilasciato in volo (e quindi fresco), come spiegato in un'intervista apparsa sul South-

La raccolta del guano - che in Cambogia è una specie di "oro nero" - significa esposizione continua di popolazioni umane a virus con cui, di solito, non verremmo mai a contatto, perché tipici di ambienti che non frequentiamo. Questo ovviamente costituisce un notevole rischio sanitario.

East Asia Globe: "La maggior parte degli abitanti del villaggio sono contadini," dice Oerun, "e la maggior parte di loro usa il guano". Ella apre il sacco che porta ai suoi piedi. All'interno, il dono ricevuto dall'alto: le feci di pipistrelli ricche di nutrienti, comunemente note come guano. Se raccolto con la giusta tecnica, questo 'oro nero' cade dal cielo in abbondanza. Oerun ha perfezionato la tecnica in oltre trenta anni". Il guano di pipistrello è così apprezzato, che anche l'agricoltura biologica dei ricchi paesi occidentali vi ha accesso, ed è possibile comprarlo direttamente sia su Amazon sia dalla sua controparte cinese, il sito di vendite online Alibaba.

Esso, quindi, non solo sostiene l'agricoltura locale - specialmente di riso - ma alimenta una economia che rimpingua le magre casse dei locali, i quali, giustamente, lo valorizzano come una risorsa pregiata per sbarcare il lunario.

Tuttavia, la raccolta del guano significa esposizione continua di popolazioni umane a virus con cui, di solito, non verremmo mai a contatto, perché tipici di ambienti che non frequentiamo. Questo ovviamente costituisce un notevole rischio sanitario.

(segue a pagina tre)

# L'idea che il virus fosse confinabile alla Cina ha comportato l'impreparazione, quando il virus è stato poi identificato come già arrivato in molte nazioni. La lezione che se ne trae è che la politica dovrebbe fidarsi di più delle stime probabilistiche, invece che di una descrizione deterministica degli eventi

(segue dalla seconda pagina)

Per questo motivo, nel 2013, un gruppo internazionale di ricercatori scriveva che “la pratica di ricercare e raccogliere il guano di pipistrello pone considerevoli rischi per la salute, perché i minatori di guano sono estesamente esposti al contatto con i pipistrelli e ai loro patogeni. Per verificare se il guano contenesse patogeni, abbiamo esaminato quello della riserva di caccia di Khao Chong Phran nella provincia di Ratchaburi in Thailandia, venduto come fertilizzante agricolo. Almeno 3 diversi coronavirus sono stati isolati dai campioni raccolti in questo studio”.

La cosa interessante è che coronavirus come quelli thailandesi sono stati trovati in altre caverne di pipistrelli, molto lontane dalla Thailandia. Per esempio, dei ricercatori che condussero uno studio simile nello Sri Lanka hanno scritto: “Questo report descrive il ritrovamento di RNA da coronavirus nel guano del pipistrello *P. medius* raccolto nel Peradeniya, Sri Lanka. Questi virus hanno una identità nelle basi nucleotidiche maggiore del 97 per cento con i coronavirus trovati in *Cynopterus sphinx*, *Scotophilus heathii* e *S. kuhlii* bats in Thailandia. Il pipistrello *P. medius* è ampiamente diffuso in Asia, e appare espellere coronavirus di tipo D”.

Quindi, un coronavirus che si sia sviluppato in una certa specie di pipistrello in una data caverna, può rapidamente essere disseminato su distanze lunghissime, colonizzando anche specie di pipistrello diverse e molto più diffuse rispetto all'ospite originale. In un lavoro simile, coronavirus comuni in Cina sono stati trovati ancora più lontano, nel guano di pipistrelli raccolto in caverne del Kazakistan, insieme ad altri coronavirus tipici di Italia, Francia, Spagna e persino Sudafrica; questo significa che vi è una dispersione di potenziali patogeni, mediata da alcuni pipistrelli, che è sostanzialmente cosmopolita. Questi e altri dati, insieme ai dati sull'economia del guano, preoccupano da tempo i ricercatori di PREDICT, che infatti nel 2016, in un loro progetto di simulazione di un potenziale spillover di coronavirus dai pipistrelli all'uomo, scrissero: “Nel 2013, il progetto PREDICT ha scoperto un nuovo beta-coronavirus nel guano di pipistrello in Thailandia. Questo virus non costituisce attualmente un rischio per la salute umana, ma la sua presenza nel guano di pipistrello, raccolto come fertilizzante in Thailandia e in altre nazioni per la medicina tradizionale, illustra quale sarebbe la via per l'emersione di un

Un coronavirus che si sia sviluppato in una certa specie di pipistrello in una data caverna può rapidamente essere disseminato su distanze lunghissime. Circa il 3 per cento degli abitanti di villaggi cinesi vicino alle caverne dello Yunnan è risultato positivo ad anticorpi contro coronavirus non identificati

potenziale virus patogeno”. Da notare come proprio i beta-coronavirus, cui si riferisce lo studio in questione, sono il gruppo a cui appartiene anche SARS-CoV-2.

Il rischio descritto nel 2016 si è in realtà concretizzato almeno una volta con certezza: nel 2019 – subito prima della pandemia di COVID-19 – fu ritrovato in un minatore di guano thailandese asintomatico un coronavirus capace di infettare l'uomo, denominato HCoV-HKU1, che 15 anni prima aveva dato origine a un'esplosione di casi di polmonite virale a Hong Kong.

In un differente lavoro, circa il 3 per cento degli abitanti di villaggi posti in Cina vicino alle caverne di pipistrelli dello Yunnan è risultato positivo ad anticorpi contro coronavirus non identificati; considerando il fatto che questi anticorpi potrebbero sparire in pochi mesi, questo lavoro conferma che, in prossimità dei pipistrelli, vi è un continuo spillover agli umani – sia che avvenga direttamente, attraverso il guano, sia che avvenga attraverso specie intermedie, come nel caso di SARS-CoV-1. Nello stesso lavoro viene descritto come uno degli individui risultati poi avere anticorpi contro qualche coronavirus sconosciuto si era spostato su distanze lunghe, dallo Yunnan allo Shenzhen, in un periodo compatibile con una sua possibile infettività; con ciò documentando come i con-

tinui focolai infettivi che si accendono nei villaggi in forte prossimità dei pipistrelli, possono facilmente accendere focolai secondari anche in aree molto lontane dallo spillover originale.

Un esperimento evolutivo continuo di nuove forme virali nel profondo delle caverne, le quali sono sottoposte a test su specie diverse perché i pipistrelli le disseminano di continuo anche su lunga distanza; una accresciuta probabilità per queste varianti virali di incontrare fra i loro ospiti un essere umano, a causa delle attività economiche collegate al guano e della prossimità della popolazione umana a grandi stormi di pipistrelli; ed infine la grande mobilità della specie umana, che può rapidamente disseminare un nuovo virus.

La miccia per una pandemia è sempre stata innescata, e lo è ancora.

## Atto III: il virus

Nelle condizioni descritte, un nuovo coronavirus è emerso nelle caverne cinesi frequentate da pipistrelli: il suo nome è RaTG13. Nel 2015, questo virus fu isolato insieme a molti altri nelle caverne della regione dello Yunnan, le stesse da cui era partita l'epidemia di SARS del 2002-2003, e fu descritto in un lavoro del 2016 insieme a moltissimi altri coronavirus che infestavano le locali colonie di pipistrello, comprendenti diverse specie. Peraltro, furono descritti all'epoca pipistrelli provenienti da quelle caverne, che ospitavano simultaneamente più coronavirus diversi, il che significa che, attraverso eventi di ricombinazione del genoma di virus diversi che infettano lo stesso ospite, la selezione naturale ha a disposizione un'ulteriore, ampia fonte di variabilità fra cui selezionare i virus più infettivi.

Il coronavirus RaTG13, come tutti i coronavirus, è un virus grossomodo sferico, ricoperto da una serie di “spuntoni” – in inglese “spike” – che gli conferiscono l'aspetto di una minuscola mina navale, di quelle della Seconda Guerra mondiale. Questi spuntoni sono fatti da una proteina, chiamata proprio spike, e hanno una funzione fondamentale: conferiscono al virus la capacità di “agganciare” in modo stabile una specifica proteina presente sulle cellule del suo ospite (che quindi funziona da recettore per il virus), di fondersi con la cellula bersaglio e di rilasciare al suo interno il genoma virale, così da iniziare il ciclo di infezione. Il recettore cellulare che il virus aggancia attraverso i suoi “spuntoni” proteici, ovvero attraverso le sue proteine spike, è una proteina dell'ospite che si chiama ACE2. Nei pipistrelli, ACE2 è una proteina con una grande variabilità da specie a specie, molto più che non in altri gruppi di mammifero. Come abbiamo visto, alcuni coronavirus sono capaci di infettare più specie diverse, e singoli pipistrelli sono coinfectati da più coronavirus diversi: questo vuol dire che c'è una continua selezione di nuovi mutanti di virus con diverse proteine spike, i quali sono selezionati per la capacità di agganciare quante più varianti di ACE2 diverse, perché in questo modo possono infettare molte più specie di pipistrello.

Ora, può accadere che alcune delle tante varianti di proteina spike, selezionate per riconoscere chissà quali e quante varianti di ACE2 di pipistrello, siano in grado di agganciare anche ACE2 di altri, diversi tipi di mammifero, che possiedono qualche elemento di similitudine con una qualunque delle corrispondenti versioni di pipistrello.

Per esempio, la proteina spike del coronavirus RaTG13, identificato come abbiamo visto fra il 2015 ed il 2016 nei pipistrelli, è casualmente in grado di riconoscere ACE2 presente sulle cellule umane, anche se in maniera poco efficiente. Perché si ottenga un legame fra il coronavirus e ACE2 umano migliore, sono necessari perciò alcuni cambiamenti della proteina spike di RaTG13.

Per esempio, l'inserimento di un piccolo pezzettino chiamato RBD (Receptor binding domain) e il cambio in un secondo punto di spike, per permettere la generazione di due frammenti dello “spuntoni” (S1 e S2) una volta che abbia agganciato la cellula bersaglio, sono emersi in un mutante di RaTG13, identico per il resto al 97 per cento che oggi ha un nome famoso: SARS-CoV-2. Questi due cambiamenti, insieme ad altre piccolissime variazioni, hanno migliorato la capacità del virus di agganciare ACE2 umana di oltre 1.000 volte.

Se RaTG13 abbia infettato direttamente l'uomo, oppure prima un animale diverso, e se la mutazio-

ne cruciale sia emersa nei pipistrelli oppure in un ospite intermedio oppure direttamente nell'uomo, è ancora oggetto di dibattito: ma il caso quantitativo di cui abbiamo discusso inizialmente, unito ai miliardi di miliardi di eventi di replicazione avvenuti per RaTG13 o per un virus molto simile ognuno dei quali poteva dare origine alla mutazione giusta, unito pure alla possibilità di scambiarsi pezzetti di genoma tra coronavirus diversi presenti nello stesso ospite, alla fine ha fatto emergere una variante con le caratteristiche giuste per propagarsi fra gli umani. Umani che esprimono ACE2 in molti tessuti, fra cui soprattutto quelli delle vie respiratorie, che quindi sono fra i tessuti maggiormente attaccati dal coronavirus: il che gli consente di essere propagato per via respiratoria, specialmente quando le alte vie respiratorie sono infiammate per azione del virus stesso, causando starnuti e colpi di tosse, ma anche attraverso la normale e fisiologica respirazione.

## Atto IV: pandemia

Come abbiamo visto, nelle popolazioni che sono prossime alle grandi colonie di pipistrello, sede naturale di una diversissima popolazione virale, è naturale che vi siano continue esposizioni di esseri umani ai coronavirus di pipistrello, i quali infettano una certa percentuale di esseri umani vuoi per la loro esposizione diretta al guano di pipistrello, vuoi per il contatto con animali diventati ospiti intermedi nell'area in cui i pipistrelli e le loro feci sono abbondanti. Fino a questo momento, le varianti di SARS-CoV-2 che mantengono la massima somiglianza con il coronavirus di pipistrello RaTG13 sono state trovate nella regione del Guangdong, in quattro pazienti infetti.

È interessante notare che questa è la stessa regione in cui è stata rintracciata l'origine della prima emergenza sanitaria causata da un coronavirus, l'epidemia di SARS del 2002-2003, e che in quel caso si dimostrò come il virus, prima di arrivare nel Guangdong, fosse partito dalle caverne ricche di pipistrelli che si trovano a migliaia di km di distanza, nello Yunnan. Questa via di propagazione sembra essere la stessa identica osservata per SARS-CoV-2: anche in questo caso, il virus deve essere migrato attraverso locali scambi tra le due regioni cinesi. Questo non desta particolare stupore, visto che lo Yunnan è una regione molto povera, mentre il Guangdong è responsabile di oltre il 10 per cento del prodotto interno lordo della Cina e pertanto attira emigrazione interna dalle province più povere.

Possiamo quindi immaginare il seguente scenario, ipotetico ma non improbabile.

In uno dei tanti episodi di infezione dei paesani dello Yunnan prossimi alle caverne dei pipistrelli, qualcuno potrebbe aver portato il virus nello Guangdong, seguendo le rotte della migrazione interna per motivi economici e lavorativi; lì giunto, il coronavirus ha potuto circolare in una popolazione più ampia e più dinamica di quella di partenza, aumentando la sua propagazione. Per un po', la circolazione del virus è forse rimasta invisibile: questo può essere accaduto sia perché magari le mutazioni giuste non erano ancora avvenute, sia per motivi casuali di ogni specie, che tendono ad accendere continui focolai, i quali non hanno le caratteristiche giuste per scatenare una vera epidemia, come su queste pagine abbiamo discusso in qualche dettaglio.

Intanto, però, il virus, trovandosi non più confinato in qualche villaggio rurale dello Yunnan, ma in uno dei motori economici del paese, ha cominciato a viaggiare molto più velocemente, e naturalmente ha preso la via che lo ha portato al principale snodo della rete di trasporto cinese, vale a dire la regione dello Hubei, e precisamente nella sua megalopoli principale, Wuhan.

Questo deve essere avvenuto già prima del novembre 2019, data cui è stato riferito dal governo cinese il primo caso sicuro di COVID-19; ma nessuno ha identificato il pericolo fino alla fine di dicembre dello stesso anno, fin quando cioè i malati di COVID-19 a Wuhan non hanno cominciato ad essere troppi per essere attribuibili ad una “normale” epidemia stagionale di malattie respiratorie note. Anche dopo la sua identificazione, l'esplosione del virus a Wuhan ha preso piede circa a metà gennaio; il che illustra bene una delle caratteristiche dell'epidemia di SARS-CoV-2, che è quella di rimanere per lungo tempo allo stadio di una serie di focolai e a un livello di

circolazione relativamente basso, prima di iniziare la rampa esponenziale di una fortissima espansione dei casi. Le probabilità di scatenare qualcosa di molto peggio che non una serie di focolai più o meno grandi, naturalmente, seguono esponenzialmente le migrazioni delle persone che incrociano località infette.

Ora, Wuhan non è solo un crocevia dei trasporti locali cinesi, ma è anche una città molto connessa con il resto del mondo, a causa dei numerosi eventi internazionali che ivi si svolgono e potendo contare su un aeroporto capace di mobilitare 35 milioni di passeggeri all'anno.

A ottobre, per esempio, in quella città si sono svolti i giochi olimpici militari, che hanno visto la partecipazione di atleti provenienti da un centinaio di nazioni. Che in quella occasione si siano infettati alcuni atleti, portando il virus nel mondo, non è fatto noto, ed è difficile da accertare: ma quell'evento rappresenta uno dei tanti “tiri di dado” del caso, che avrebbe potuto contribuire a propagare il virus nel resto del mondo.

Di gran lunga più importante è stata l'esacerbata diffusione virale dovuta ai viaggi dei cinesi in occasione della celebrazione per 40 giorni del Capodanno lunare, a partire dal 10 gennaio. In tempi normali, si tratta della maggiore migrazione annuale del mondo, che vede lo spostamento di centinaia di milioni di esseri umani sia in Cina, sia fra la Cina e il resto del mondo. Il 23 gennaio è stato chiuso l'aeroporto internazionale di Wuhan, ma il virus in quella città circolava in abbondanza già da prima: è quindi probabilisticamente certo che, lasciate le ali membranose dei pipistrelli, in quell'occasione il virus abbia viaggiato verso il resto del mondo sulle ali d'acciaio dei jet.

Anche prima del Capodanno lunare, gli spostamenti di uomini d'affari, turisti, trasportatori, da e per la Cina – e da e per uno dei suoi più importanti hub internazionali, che abbiamo visto essere Wuhan – devono aver disseminato il virus nel mondo. Ecco perché, al di là delle rassicuranti considerazioni dei politici di mezzo mondo di gennaio, i quali affermavano che il problema era contenuto alla Cina e che questa nazione stava agendo al meglio per evitare la diffusione del virus, il 20 gennaio 2020 il gruppo del fisico Alessandro Vespignani, dopo averlo anticipato al pubblico, inviò un articolo poi pubblicato su Science. In questo articolo, gli autori affermavano che lo stop ai trasporti aerei del 23 gennaio da e per la Cina avrebbe solo rallentato, non impedito, la diffusione del virus nel resto del mondo; i buoi erano già scappati dalla stalla. E infatti, abbiamo poi appreso per esempio che i primi casi documentati di polmonite grave da SARS-CoV-2 in Francia sono del dicembre 2019, il che significa che per quella data il virus aveva già sicuramente raggiunto l'Europa.

L'idea che il virus fosse confinabile alla Cina ha comportato l'impreparazione dei sistemi sanitari, quando il virus è stato poi finalmente identificato come già arrivato in molte nazioni, inclusa l'Italia; e la lezione che se ne trae è che la politica dovrebbe fidarsi di più delle stime probabilistiche, invece che di una descrizione deterministica degli eventi, in cui si immagina di intercettare un “paziente zero” erigendo barriere sanitarie intorno ai paesi, solo dopo che un virus è stato identificato.

Una volta sbarcato in altri paesi e continenti, il virus ha dato origine a ondate locali, ripetendo lo

In uno dei tanti episodi di infezione dei paesani dello Yunnan prossimi alle caverne dei pipistrelli, qualcuno potrebbe aver portato il virus nel Guangdong, seguendo le rotte della migrazione interna per motivi economici e lavorativi; lì giunto, il coronavirus ha potuto circolare in una popolazione più ampia

schema già visto in Cina.

Per un po', circolazione a livelli presumibilmente bassi, con accensione e spegnimento di tanti piccoli focolai, magari sedati anche attraverso l'ospedalizzazione immediata e la cura degli sporadici casi di polmonite virale non attribuita (come i primi casi in Francia) durante una stagione, quella invernale, che è la classica stagione delle malattie respiratorie e ogni anno vede la risoluzione di un certo numero di casi, anche gravi, non ricondotti a virus specifici.

Poi, per il concatenarsi di una serie di eventi casuali, quali l'infezione di un superdiffusore e la sua azione sulla comunità che lo circonda hanno cambiato le cose. Un soggetto che per la sua fisiologia respiratoria, per le caratteristiche della sua vita sociale, per il numero di ambienti chiusi con soggetti a rischio che frequenta e per la particolare concatenazione di scelte che effettua al momento giusto (alta carica virale, ma pochi sintomi, magari per l'età giovane) diffonde il virus fra decine di altri soggetti, per cui un particolare focolaio o una collezione di focolai, invece di spegnersi, convergono in un grande incendio, che genera un rapido aumento dei casi di natura esponenziale, come quello visto in ogni paese in cui il virus circolasse incontrollato per un po'.

(segue a pagina quattro)

## Il Pd e la scorciatoia giudiziaria su migranti e nord

(segue dalla prima pagina)

Dall'altra parte c'è invece la possibilità che il Partito democratico abbandoni ogni titubanza sul tema dell'immigrazione non semplicemente cambiando i decreti sicurezza (cosa di fatto già accaduta e che avverrà in modo formale a settembre) ma anche provando a fare quello che diversi sindaci riformisti del Pd chiedono di fare al loro segretario: governare l'immigrazione non usando la semplice e vuota leva della politica dell'accoglienza ma usando la saggia e seria leva della politica dei gestioni dei confini. "Dirò forse una cosa poco di sinistra. Il Pd - ha confidato la scorsa settimana al nostro Carmelo Caruso il sindaco di Bolo-

gna Virginio Merola, esprimendo un concetto simile a quello espresso anche da Giorgio Gori, sindaco di Bergamo, e da Matteo Ricci, sindaco di Pesaro - deve avere un progetto sull'immigrazione per parlare alla pancia del paese. Sì, alla pancia. Non significa che dobbiamo urlare. Noi siamo razionali ma per fare i razionali ci vuole sentimento". La chance del Pd di crescere e di evitare di ridare fiato al salvinismo passa dalla capacità di saper dimostrare con i fatti che governare l'immigrazione è qualcosa di più sofisticato del voler solo fare gli anti salviniani. Ma allo stesso tempo la chance del Pd di crescere e tentare di essere qualcosa di diverso dal partito delle Ztl passa dalla capacità di saper leggere tra le righe di quello che è il suo principale deficit politico: l'incapacità di fare della rappresentanza del nord produttivo una priorità della propria agenda politica. Il Pd ci può girare quanto vuole ma a pochi giorni dalle

prossime regionali si trova in una condizione difficile da decifrare: al nord praticamente non tocca palla, in Veneto il centrosinistra ha rinunciato in partenza a cercare uno sfidante contro Luca Zaia,

Il Pd ci può girare intorno quanto ci vuole ma a pochi giorni dalle prossime regionali si trova in una condizione difficile da decifrare: al nord praticamente non tocca palla e anche gli imprenditori fanno sempre più fatica a considerare il Pd il partito su cui scommettere nel futuro. Come provare a essere qualcosa di diverso dal partito delle Ztl? Una strada c'è ed è quella che passa dall'Europa

in Liguria il candidato del Pd e del M5s è probabile che non venga votato da buona parte degli elettori del Pd, in Emilia Romagna Stefano Bonaccini governa osservando in modo meno benevoli rispetto a qualche mese fa,

gli imprenditori del nord fanno sempre più fatica a considerare il Pd il partito su cui scommettere, le grandi città del nord sono amministrate prevalentemente da sindaci di centrodestra, i sindaci

di centrosinistra che amministrano al nord (Sala, Gori) vengono considerati da un pezzo della classe dirigente del Pd come sindaci interpreti di una linea sostanzialmente di destra e la catena di comando del Partito demo-

cratico sembra essere concentrata più a rilanciare la questione meridionale, più soldi al sud, che ad affrontare la questione settentrionale, ovvero come far ripartire il prima possibile il più importante motore dell'economia italiana, colpito dal dramma del Covid anche più delle regioni del sud. Il Pd potrebbe parlare di tutto questo, potrebbe ragionare su tutto questo, potrebbe investire su un progetto più ambizioso della rendita di posizione ma al momento su questo fronte corre un rischio non troppo diverso da quello registrato sul tema dell'immigrazione: trasformare la via giudiziaria nell'unica strategia utile per creare un'alternativa al modello nordista incarnato da Salvini. Nel caso specifico, la via giudiziaria in questione è quella che riguarda la battaglia legale che si combatterà nei prossimi mesi contro il poco presentabile e poco credibile governatore della Lombardia Attilio Fontana.

Ma per quanto sia più che comprensibile chiedere a Fontana di offrire lumi sulle sue verità alternative, diciamo così, il centrosinistra dovrebbe prendere atto di un problema mica da poco: l'inesistenza al nord di un progetto politico capace di far notizia più di un'esultanza per un'indagine su un governatore leghista. Sarà difficile, con questo passo, che il Pd riesca a ricostruire una sua agenda per il nord. Ma sarebbe un peccato se il partito riformista con più consenso nel paese perdesse l'occasione di fare quello che sabato scorso gli ha suggerito di fare sulle pagine del nostro giornale l'ex ministro dell'Economia Pier Carlo Padoan: trasformare le condizionalità previste nel Recovery Fund (maggiore produttività, investimenti digitali, sburocratizzazione, riforma della giustizia civile) non per regalare generica assistenza ma per provare a modernizzare il paese. Le scorciatoie giudiziarie anche no, grazie. 

## Migranti e Orfini's list: andare al sodo, senza bandiere

(segue dalla prima pagina)

L'epidemia aveva preso e non ha ancora perso la faccia dello straniero, non importa se ricco o povero, non importa se con gli occhi a mandorla o no, e una scia di timore, con episodi di imbarazzante imbecillità nativista, del tutto ingiustificati viste le procedure autoctone del contagio, ha sigillato il paese che ha discretamente combattuto il vi-

rus con un tempestivo confinamento e con misure di salvaguardia e di aiuto sociale encomiabili, premiate da una svolta di convergenza e solidarietà attiva a Bruxelles.

Ora si ripresenta la questione mediterranea, libica, tunisina, la fuga dalle crisi umanitarie e economiche, un arrembaggio peraltro ancora non di proporzioni eccezionali ai molti chilometri di costa marittima del nostro paese, e alle regioni e località del meridione più esposte. Quella questione è evidentemente un problema da risolvere, non deve tornare a essere, in un senso o nell'altro, un tema di battaglia ideo-

logica o di speculazione bieca. L'Economist di Londra, giornale "invasionista" come direbbe il nostro nativista preferito, lo squisito scrittore e l'uomo libero di testa che risponde al nome maschio cattolico italiano di Camillo Langone, usa argomenti e toni civili per analizzare il fenomeno della nuova intrattabilità delle immigrazioni e degli scambi, che non è solo italiano e costiero bensì mondiale. Luciana Lamorgese, ministro dell'Interno al posto del guardiacostiero che sequestrava anche la guardia costiera con circolari da spiaggia, usa anche lei toni civili e argomenti razionali. Si parte dal sal-

vaggio in mare, che non è più messo in discussione da alcuno, e dal porto sicuro, per estendere il dossier dai risvolti umani a tutta l'Europa, che deve sentirsi responsabile, e per organizzare dissuasioni e rimpatri capaci di non far crollare nell'equivoco e nel disastro, anche d'opinione, un governo ragionevole delle frontiere nazionali. L'abrogazione dei decreti sicurezza è nei fatti e nelle procedure, nelle parole e nei comportamenti, innanzitutto, e si prepara anche la discussione parlamentare di un testo legislativo di sostituzione e superamento.

Penso che sarebbe saggio, da

parte dell'ala del Pd più sensibile alla radicale discontinuità con un'esperienza vergognosa di maltrattamento delle persone imbarcate e bisognose di una sponda di salvezza, dismettere i toni di bandiera e andare al sodo. Quanti soldi si stanziano, al di là della politica dei rimpatri e dell'isolamento cautelare dei nuovi arrivi, necessaria nell'emergenza, per l'integrazione, per il rispetto della dignità umana degli immigrati e dei rifugiati, per costruire strumenti europei, in sede Onu, leve internazionali capaci di abrogare lo scandalo dei centri di detenzione africani e libici? La cura non solo finan-

ziaria della situazione succeduta, transitoriamente e precariamente, ai mesi di espansione spettacolare della pandemia, richiede una svolta, per la quale ci sono o devono comunque essere reperite e stanziare risorse, con strumenti e tecniche. Avendo sempre in mente la soluzione di problemi acuti, percepiti come tali da una quantità enorme di italiani, invece che scontri di posizione ciechi alla presa del reale sugli avvenimenti. C'è da augurarsi che, senza rinunciare ai principi e al confronto anche duro su timidezze e errori del governo e del parlamento, Orfini e gli altri se ne rendano conto. 

# E' necessario vigilare sulla virosfera di questo pianeta, e ricordare che la nostra vita è inestricabilmente connessa a quello che succede in un oscuro anfratto in Asia, nelle remote giungle del Congo o in altri punti del globo. E' il concetto di "One Health"

(segue dalla terza pagina)

E arriviamo quindi alla situazione odierna, con ondate asincrone di casi in paesi diversi che fino ad adesso corrispondono a quasi 17 milioni di individui che sono stati infettati con certezza (perché molti non sono nemmeno diagnosticati) e a un numero, certamente sottostimato, di oltre 650.000 morti.

Queste ondate asincrone sono caratteristiche di una tumultuosa espansione iniziale della pandemia, e sono classiche di un sistema caotico, che prima di raggiungere un equilibrio - fatto di ondate stagionali, oppure di continua circolazione del virus a un livello più o meno costante - o anche prima di vedere la sparizione del virus, passerà per un po' di tempo attraverso uno sviluppo imprevedibile.

### Atto V: evoluzione

Naturalmente, come molti dei lettori potranno sospettare, l'evoluzione del virus SARS-CoV-2 non è finita nel momento in cui ha attaccato l'uomo. Le caratteristiche minime necessarie per l'efficienza infezione degli esseri umani (attraverso il riconoscimento migliorato di ACE2 umana) e per un'alta infettività (attraverso l'infezione aerea) ci sono, ma il virus non può smettere di mutare, perché, come abbiamo visto, le mutazioni sono un fenomeno probabilistico ancorate nella natura stessa del codice genetico, e l'enorme numero di eventi di copia del genoma, dovuto al fatto di aver infettato milioni di esseri umani, significa che ogni probabilità di mutazione, per quanto piccola, prima o poi si concretizza in uno specifico evento.

In genere, queste mutazioni sono svantaggiose per il virus che le porta - "rompono" qualcuno degli ingranaggi della macchina virale - oppure sono silenti, cioè non cambiano in nessun modo le caratteristiche del virus. Per questo motivo, la grandissima parte delle mutazioni appaiono e scompaiono con il virus che le portava.

Alcune, però, migliorano le probabilità che il virus che le porta generi discendenza abbondante, il che è l'unico caso in cui una mutazione si diffonde in una popolazione (di virus, in questo caso).

Molti credono che questo meccanismo sia alla base del fatto che, prima o poi, il virus dovrà necessariamente diventare meno letale e più benigno; in realtà, vi è selezione verso una diminuzione di letalità solo se la mutazione che diminuisce la letalità, per puro caso, conferisce anche una maggiore capacità di generare discendenti (per esempio aumentando il tasso di replicazione virale), oppure se l'ospite diminuisce di densità a tal punto, per effetto della letalità del virus, che i virus meno letali sono favoriti dal fatto di non estinguere del tutto l'umanità. Siamo ben lontani (per fortuna) dalla seconda condizione, e non vi è nessuna evidenza che si sia verificata la prima; quindi, al momento, non vi sono fatti che facciano pensare che il virus sia cambiato nel senso di causare una malattia meno grave.

Una mutazione speciale, però, si è ampiamente affermata, da quando il virus si è diffuso fra gli umani.

Si tratta di un cambiamento, ancora una volta, nella proteina spike del virus: e questo ci può già far sospettare quale sia il suo effetto. La mutazione si chiama D614G, perché con questa sigla si indica che in un particolare punto della proteina spike - la posizione 614 - a causa del cambiamento del genoma virale, si è avuto un cambio da acido aspartico (indicato con D) a glicina (indicata con G). Questa mutazione non era presente in Cina, all'inizio della pandemia. È invece rapidamente diventata dominante nel resto del mondo, e al momento sta "ricolonizzando" la stessa Asia, Cina compresa: ovunque arrivino virus che sono mutati in questo modo, rapidamente rimpiazzano la popolazione virale non mutata.

I virus che portano questa mutazione non

cambiano il decorso della malattia - in Italia è presente infatti fin dal primo paziente identificato; tuttavia, rispetto alle varianti senza la mutazione, sembra che siano più infettivi e diano origine a cariche di RNA virale più alte nei pazienti (senza per questo influenzare la clinica in modi noti). In altre parole, il nuovo mutante sembra più infettivo.

Non è noto il meccanismo dettagliato attraverso cui questa mutazione conferisce i suoi vantaggi al virus; però c'è un elemento importante, di cui mi sono accorto studiando i database che contengono le sequenze genetiche di tutti i coronavirus sin qui identificati.

Nel 2009, i ricercatori del Craig Venter Institute depositarono nel database GenBank la sequenza di un isolato di coronavirus della SARS, sotto il codice di accesso FJ882963. Questa sequenza era diversa da tutte quelle precedentemente note di coronavirus SARS per avere la stessa mutazione della proteina spike, poi emersa in SARS-CoV-2 e denominata D614G. In quella posizione, non è nota nessuna altra mutazione per il coronavirus della SARS o per quello che causa COVID-19; in entrambi i casi, però, dopo un numero sufficiente di replicazioni nell'ospite umano, che ha forse richiesto qualche tempo nella SARS (molto meno diffusa) e pochi mesi per SARS-CoV-2, lo stesso pezzo della proteina spike, il gancio con cui entrambi i coronavirus riconoscono ACE2 umano, è cambiato esattamente nello stesso modo.

L'evoluzione dei due virus, cioè, ha sperimentato probabilmente le stesse pressioni selettive, una volta adattati all'uomo; e in una magnifica dimostrazione di come funziona la mutazione casuale e la sua propagazione nella popolazione a opera della selezione naturale, le stesse condizioni hanno prodotto lo stesso adattamento in due popolazioni di virus simili, ma non identici.

Credo che non ci sia modo migliore del guardare a risultati come questo, per capire come

funziona l'evoluzione di un virus, e il processo darwiniano in generale.

Dove porterà questa evoluzione? Non lo sappiamo, ma forse, come nel caso appena illustrato, dovremmo studiare cosa è successo in virus correlati, per quelle parti del genoma virale che sono rimaste identiche o molto simili a quelle di SARS-CoV-2.

Di certo, non è la prima volta che la mutazione D614G fa la sua comparsa nel gruppo di coronavirus affini alla SARS, cui appartiene anche il virus che causa COVID-19, e che si chiamano sarbecovirus; per cui credo che l'attenzione, anche mediatica, che questa mutazione ha ricevuto, non sia poi ingiustificata.

### Conclusione

Questa cavalcata nella storia naturale dell'attuale pandemia ha volutamente escluso gli aspetti clinici e quelli farmacologici. La mia intenzione era infatti di riportare SARS-CoV-2 nel suo ambito proprio, che non è solamente quello sanitario, ma quello ecologico ed evolutivo: credo infatti che in tale contesto sia possibile fare alcune generalizzazioni, che saranno utili non solo per capire l'attuale pandemia - forse dissolvendo parte della paura dell'ignoto che ci prende davanti a un fenomeno simile - ma anche e soprattutto per comprendere che non si tratta di un evento eccezionale, imprevedibile o imprevedibile.

Il nostro mondo, sempre più, è strutturato in modo da amplificare al massimo il rischio di una nuova pandemia; e le zoonosi, cioè quelle infezioni innescate da patogeni animali, sono particolarmente pericolose, perché rappresentano un'inesauribile fonte di patogeni non ancora incontrati sulla nostra strada, e quindi dall'andamento particolarmente imprevedibile e potenzialmente grave.

Caso, caos e storia degli individui attaccati da un virus possono fare la differenza fra focolai di virus ignoti, che si spengono in qualche remoto villaggio cinese (come documentato in letteratura per i coronavirus), oppure la prossima grande onda infettiva, che potrebbe arrivare da virus completamente differenti dai sarbecovirus, ma potrebbe pure essere invece l'ennesimo risultato degli esperimenti naturali che si conducono sul genoma dei coronavirus da millenni nelle grandi caverne abitate da pipistrelli del sud est asiatico.

Lo sapevamo, lo sappiamo e ne sapremo sempre di più: è necessario vigilare sulla virosfera di questo pianeta, e ricordare che la nostra vita è inestricabilmente connessa a quello che succede in un oscuro anfratto in Asia, nelle remote giungle del Congo o in altri punti del globo, secondo quel concetto di "One Health" troppe volte declamato, e poche volte compreso.

Enrico Bucchi