

**IL FATTO.** Ora c'è il Dna completo del Covid-19

# Mappato il virus grazie ai tamponi inviati da Verona

L'Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Venezia ha sequenziato l'intero genoma del virus Sars-CoV-2 responsabile dei casi di coronavirus in Veneto, sulla base dei 13 tamponi naso-faringei inviati dall'Ulss 9 di Verona, rendendo così disponibili per la comunità scientifica le prime sequenze del Covid-19.

È stata identificata la mutazio-

ne del primo caso italiano: i turisti cinesi in visita a Verona, poi ricoverati allo Spallanzani di Roma. I campioni presentano una mutazione di una proteina che permette al Covid di diventare molto più aggressivo e di infettare le cellule umane, ed è presente in molti dei virus circolati in Europa e in quelli cinesi identificati a Wuhan. ➤ PAG 9

**LO STUDIO.** L'Iszve ha studiato i tamponi effettuati nell'Ulss 9 Scaligera

## Sequenziato il genoma «C'è la variante veneta»

«Identificata la mutazione del primo caso italiano: i turisti cinesi a Verona Rende il virus più infettivo»

L'Istituto zooprofilattico sperimentale delle Venezia, che ha sede nel Padovano, ha sequenziato per primo il genoma del Covid-19 che circola in Veneto. «Grazie agli accordi di collaborazione scientifica sottoscritti con l'Ulss 9 Scaligera e l'Ulss 6 Euganea - semplice Calogero Terregino direttore del Dipartimento di virologia - abbiamo potuto sfruttare i tamponi effettuati da marzo in poi per studiare il genoma del virus, "fotografando", in pratica, quello che si è diffuso qui». Un passaggio non banale perché il numero di sequenze italiane depositate nella banca internazionale del genoma era fino ad allora irrisorio: «Su 50 mila totali, 30 mila erano europee e quelle italia-



Da sinistra Bottacin, Zaia, Ricci, Terregino e Lanzarin

ne rappresentavano lo 0,5% appena», ricorda il virologo. Questa carenza, poi colmata, avrebbe avuto una ricaduta grave perché le sequenze consentono di identificare le varianti di virus presenti al mondo su cui poi vanno tarati i vaccini e le cure. Insomma, servono per "testare" i nuovi farmaci e capire se saranno efficaci o meno anche rispetto al tipo di coronavirus presente in Italia e in Veneto. Continua Terregi-

no: «Sono stati identificati 98 gruppi di varianti. Di questi, quattro ne abbiamo trovati noi in Italia e in Veneto. Tra queste c'è una delle pochissime mutazioni riconosciute a livello internazionale. Ed è quella secondo cui il virus è diventato più aggressivo grazie ad una mutazione sulla proteina che permette al Covid di legarsi con più facilità alle cellule umane. Questa mutazione, che dà al virus un maggiore

«fitness di replicazione, è stata identificata da noi nel macrogruppo poi sequenziato nella provincia di Padova e a cui appartengono anche a gruppi identificati all'inizio di epidemia, tra gennaio e febbraio. Sono simili a quelli trovati a Wuhan. E sono gli stessi che abbiamo ritrovato nei primi due casi riscontrati in Italia: i due turisti cinesi che stavano visitando Verona e che poi sono stati ricoverati allo Spallanzani».

L'esperto continua: «Prima del lockdown avevamo riscontrato sequenze molte diverse. Durante la chiusura e dopo, invece, l'evoluzione è stata diversa, meno variabile». Mentre sono ancora in corso studi per capire quanto dura l'immunità che si è acquisita ammalandosi, Terregino ha sottolineato che mantenere alta la guardia con mascherina e distanze potrebbe avere una influenza positiva sull'evoluzione del virus: «Bloccando i malati gravi e impedendo di trasmettere il virus con forme cliniche gravi, potrebbe prendere il sopravvento una mutazione meno aggressiva del Covid-19 che potrebbe portare ad un equilibrio tra ospite e virus con ricadute meno gravi». • CRIGIA.

© RIPRODUZIONE RISERVATA