

VERONA L'Istituto Zooprofilattico delle Venezie: a disposizioni degli scienziati Virus, sequenziato tutto il genoma

VERONA - L'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (IZSVE) ha sequenziato l'intero genoma del virus Sars-CoV-2 responsabile dei casi di Covid-19 in Veneto. Il sequenziamento è stato eseguito a partire da 13 tamponi naso/faringei inviati dall'Azienda Ulss 9 di Verona, con cui l'IZSVE ha stretto un accordo di collaborazione scientifica. Le sequenze sono state depositate nel database pubblico Gisaid, rendendo così disponibili per la comunità scientifica le prime sequenze di Sars-CoV-2 dal Veneto. Le sequenze genomiche di Sars-CoV-2 sono state classificate in due gruppi principali chiamati "lineage": A e B. Il lineage A si distingue in 5 ulteriori lineage (A.1-A.5) e due sub-lineage, mentre nel lineage B si distinguono 9 lineage (B.1-B.9) e molteplici sub-lineage. Tutti i vi-

rus di Verona appartengono al lineage B.1. Tutti i campioni italiani B1 presentano una mutazione a livello della proteina "spike", la proteina che permette al Coronavirus di infettare le cellule umane. Questa mutazione è presente anche in molti dei virus circolati in Europa, dove è diventata molto velocemente la forma virale predominante. Secondo uno studio recente potrebbe facilitare l'entrata del virus nelle cellule dell'ospite. Ad oggi ci sono più di 19.000 sequenze dell'intero genoma di Sars-CoV-2 disponibili in database pubblici, ma solo 96 di queste sequenze sono italiane. L'IZSVE è pronto a mettere a disposizione le proprie competenze per la caratterizzazione del genoma di altri Sars-CoV-2 dal Veneto.

© RIPRODUZIONE RISERVATA



Analisi Successo in Veneto

