

**INTERROGAZIONE**

Coppola (Verdi) chiede se sono state identificate anche qui

# «Cercate le varianti del virus»

«È stato effettuato un sequenziamento per identificare le nuove varianti del virus SarsCov2 in Trentino?». Lo chiede con una interrogazione al presidente della Provincia la consigliera provinciale dei Verdi, Lucia Coppola, che con la stessa interrogazione vuole sapere, nel caso si stia facendo: «chi lo sta effettuando; quali sono i risultati ottenuti, ovvero se in Trentino si sono riscontrate varianti al virus SarsCov2». La consigliera provinciale vuole sapere inoltre se si ritiene che «il vaccino Pfizer immunizzi dalle eventuali varianti presenti in Trentino; se vengono monitorati i contagi collegati ai viaggi effettuati all'estero; quanti contagi si sono riscontrati da persone provenienti da paesi esteri per motivi di lavoro o altro».

Lucia Coppola parte infatti dalla constatazione che: «C'è grande preoccupazione in tutto il mondo per le nuove varianti di Covid-19 che stanno emergendo. La Presidente della Commissione europea Von der Leyen ha sottolineato l'importanza del sequenziamento, ovvero si devono individuare le nuove possibili varianti di Covid-19 nei Paesi europei, per isolarle subito». «Nella Regione Veneto - fa presente Coppola - l'Istituto superiore zooprofilattico delle Venezie (Iszve) ha rivelato di essere giunto adesso a individuare, con 53 campioni sequenziati, ben 10 varianti del SarsCov2. E la prima buona notizia è che se da una parte è confermata la presenza della famosa variante inglese del virus che

pare avere una capacità di contagio molto superiore rispetto a quanto accadeva in primavera, dall'altra nessuno dei 53 campioni analizzati finora appartiene alla pericolosa variante identificata in Sud Africa. Ma qui è emersa anche una variante del virus che pare avere un pericolo in più: la capacità di eludere l'attività neutralizzante di alcuni anticorpi monoclonali e di anticorpi presenti nel siero di una parte di individui guariti dall'infezione. E c'è anche un'altra variante che ha una mutazione per cui pare essere in grado di evadere l'attività neutralizzante di alcuni anticorpi monoclonali». La consigliera ricorda che: «Sono 7 invece le varianti del virus SarsCov2 identificate tra febbraio e aprile 2020 in Lombardia: è quanto emerge

dalla mappatura genetica condotta dai ricercatori dell'Università Statale di Milano, Ospedale Niguarda e Policlinico San Matteo di Pavia. I risultati, pubblicati sulla rivista Nature Communications, mostrano che alcune di queste varianti si sono selezionate all'interno della regione e hanno causato almeno due sub epidemie, una preponderante nelle province di Lodi e Cremona e l'altra più a Nord, soprattutto a Bergamo. L'indicazione che arriva dal Centro europeo per il controllo delle malattie (Ecdc) ai laboratori dei paesi europei per avere un quadro rappresentativo della distribuzione dei virus, è quella di continuare con la sorveglianza, anche con una raccolta mirata di campioni, per rilevare la presenza di varianti».



I laboratori lombardi e veneti hanno già individuato più varianti

