

Virus Sars-CoV-2: nessuna variante sudafricana o brasiliana identificata finora in Veneto

Scritto da redazione 30 Gennaio 2021

332 1

Legnaro (Padova) – L'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (IZSVe) ha pubblicato oggi il terzo report che descrive le caratteristiche genetiche di SARS-CoV-2 identificati in Veneto, nel periodo 2 novembre 2020 – 11 gennaio 2021, per un totale di 61 campioni analizzati. L'IZSVe sta monitorando le caratteristiche genetiche e la variabilità dei ceppi di SARS-CoV-2 presenti in Veneto su mandato regionale.

I virus caratterizzati in Veneto da novembre 2020 appartengono a 11 diversi lineage, di cui quattro appartengono a una delle varianti selezionate dal Centro Europeo per la prevenzione e controllo delle malattie (ECDC) come varianti che destano preoccupazione e da monitorare con maggiore attenzione. Nessuno dei campioni analizzati finora appartiene alla variante sudafricana (501.V2) o a quella brasiliana (P.1). La variante inglese è stata identificata finora in 5 campioni appartenenti a persone tutte provenienti dall'estero, da non attribuire quindi a casi circolanti sul territorio regionale.

“Le mutazioni nel genoma di virus a Rna come SARS-CoV-2 sono eventi naturali e attesi – spiega Calogero Terregino, direttore della Struttura Ricerca e Innovazione – In questo momento è importante sequenziare il genoma del virus perché ci permette di identificare nuove varianti virali che possono modificare l'andamento e l'impatto dell'epidemia. Gli elementi cruciali che definiscono le dinamiche di interazione di SARS-CoV-2 con la popolazione ospite sono rappresentati da cambiamenti nella trasmissibilità del virus, nella gravità della malattia e nella capacità del virus di sfuggire all'immunità acquisita (post-infezione o vaccinazione), e dai test diagnostici in uso.”

Si precisa che il numero di campioni sequenziati ad oggi è limitato rispetto al numero di casi positivi in Veneto e fornisce solo una fotografia parziale delle possibili varianti circolanti nel territorio.

I dati raccolti sono trasmessi in tempo reale all'Istituto Superiore di Sanità (ISS) e saranno convogliati nel nuovo Consorzio Italiano per la genotipizzazione e fenotipizzazione del virus, promosso dal Ministero della Salute, e coordinato dall'ISS, con il compito di seguire l'evoluzione del virus.