Dir. Resp.: Alessandro Moser Tiratura: 14.371 Diffusione: 12.078 Lettori: 111.000 Rassegna del: 11/07/20 Edizione del:11/07/20 Estratto da pag.:2 Foglio:1/1

LA RICERCA

Due ceppi diversi in Lombardia hanno fatto dilagare l'epidemia

Quattrocento pazienti, provenienti da aree diverse della Lombardia, rappresentano la consistente casistica dello studio concluso da San Matteo e Niguarda, il più ampio condotto sino ad oggi sul sequenziamento del virus SARS-CoV-2 in Lombardia, che fotografa quanto è accaduto dall'inizio dell'anno attraverso un ap-proccio scientifico "evidence-based". Sono state perse in esame 350 sequenze genomiche virali. L'analisi comparativa, condotta con metodi statistici, derivati da tamponi raccolti dal 22 febbraio al 4 aprile 2020, fa risalire l'ingresso di SARS-CoV-2 in Lombardia verso la seconda metà di gennaio. Il dato è corroborato dalla valutazione della sieroprevalenza di anticorpi neutralizzanti nei donatori di sangue della Zona rossa di Lodi che, oltre che a consentire di stimare precisamente la diffusione dell'infezione, haidentificato 5 soggetti sieropositivi nel periodo tra il 12 e il 17 febbraio 2020 (Percivalle et al., Eurosurveillance, accepted). Tenendo conto che gli anticorpi neutralizzanti si sviluppano circa 3-4 settimane dopo l'infezione, questi dati dimostrano la presenza del virus a partire dalla seconda metà di Gennaio 2020. Caratterizzando la variabilità virale riscontrata nel territorio e la distanza evolutiva rispetto

ai virus circolanti nelle aree severamente colpite dalla pandemia, è stato possibile identificare due maggiori catene di trasmissione virale: il ceppo A, caratterizzato da 131 sequenze, si è diffuso principalmente nel nord della Lombardia a partire dal 24 gennaio (Bergamoe territori litrofi come Alzano e Nembro); il ceppo B, che conta 211 sequenze, più variabile, ha caratterizzato l'epidemia del sud della Lombardia almeno a partire dal 27 gennaio (Lodi e Cremona). Le differenze tra i ceppi virali sono comunque di numero limitato (appena 7 mutazioni nucleotidiche su un totale di circa 30.000 basi di genoma virale). –

Π7



Un tampone faringeo per verificare la positività al Covid



Il presente documento e' ad uso esclusivo del committente

176-001-00