LiberoMilano

Dir. Resp.:Vittorio Feltri Tiratura: 77.225 Diffusione: 25.559 Lettori: 196.000 Rassegna del: 11/07/20 Edizione del:11/07/20 Estratto da pag.:29 Foglio:1/1

Lo studio

In Lombardia scoppiata una doppia epidemia E ora il virus è stabile

Ora che è possibile guardare l'evoluzione del Coronavirus in Lombardia non dal centro dell'emergenza ma da un pelo più in là, si può fare qualche considerazione. Questo, con più dati quindi e anche con più calma, è ciò che è stato presentato ieri: uno studio - «il più ampio sino a oggi condotto sul sequenziamento del virus Sars-Cov-2 in Lombardia» - condotto da Carlo Federico Perno, direttore della Medicina di laboratorio del Niguarda di Milano, e da Fausto Baldanti, numero uno della Virologia molecolare del San Matteo di Pavia, con il sostegno della Fondazione Cariplo. Lo studio fotografa le sequenze genomiche di 346 pazienti affetti da Covid-19 provenienti da tutta la Lombardia, raccolti dal 22 febbraio scorso ai primi di aprile.

Veniamo ai punti principali: il virus ha colpito la Lombardia come in una guerra, «con tanti carri armati che hanno attaccato la regione da più fronti diversi nello stesso momento», ha spiegato Perno, «un assalto multipo e

concentrico». Il Covid era presente in Lombardia già da metà gennaio e ha circolato con almeno due "ceppi", uno nel sud della Lombardia tra Lodi e Cremona (diffusosi presumibilmente a partire dal 24 gennaio scorso), l'altro nel centro nord a partire da Bergamo (ma-

nifestatosi nei focolai di Alzano e Nembro, circolante dal 27 gennaio). «È importante sottolineare le implicazioni per il futuro: il virus è stabile», ha sottolineato l'immunologo Alberto Mantovani, direttore scientifico dell'Humanitas, «In queste 346 sequenze complete del virus non ci sono varianti attenuate».

Quella scoppiata in Lombardia sarebbe insomma una doppia epidemia, insomma. Entrata in Lombardia almeno a metà gennaio, come dimostra la presenza di anticorpi in 5 donatori di sangue della zona di Lodi già a metà febbraio (che si formano dopo circa un mese dopo l'ingresso nel corpo del virus). E sarebbe entrato in Italia non direttamente dalla Cina, ma è passato dall'Europa: «Il virus ha caratteristiche genetiche molto più simili a quelli oggi presenti in Europa che non a quelli circolanti in Cina», ha spiegato Baldanti, «L'ingresso quindi non è diretto dalla Cina ma mediato da una fase Europea. Quando è stato riscontrato il primo caso a Codogno, lo stesso era già presente nella zona nord (inclusi Alzano e Nembro)».



Alberto Mantovani (Ftg)



Il presente documento e' ad uso esclusivo del committente

Pasa:16%

Telpress

Servizi di Media Monitoring