

STUDIO La mappa genetica

Bergamo, il Lodigiano e il boom di casi 2020 Isolate sette varianti

» **Stefano Caselli**

La variante inglese del Sars-Cov-2 fa paura, come paura fanno quelle spagnola, svizzera, croata, balcanica, sudafricana, brasiliana e statunitense. Non saranno le ultime (nel mondo, dall'inizio della pandemia, ne sono state individuate circa dodicimila) come non sono state le prime. In Italia, per esempio, abbiamo avuto la "lodigiana" e la "bergamasca", se così ci è concesso chiamarle. Era ipotizzabile ma ora è ufficiale.

Uno studio dell'Università Statale di Milano, del Policlinico San Matteo di Pavia e dell'Ospedale Niguarda di Milano, pubblicato sulla rivista *Nature Communication*, ha identificato, sequenziando 346 genomi su tutto il territorio lombardo, ben 7 varianti del virus Sars-Cov-2 circolate in Lombardia tra febbraio e aprile 2020. Tre varianti su sette (alcune delle quali sviluppatasi esclusivamente sul territorio, altre importate dall'esterno e che nulla hanno a che vedere con le più recenti di cui in questi giorni si parla) hanno subito una ampli-

ficazione tale da consentire la presenza di importanti focolai locali di trasmissione, la cui origine risalirebbe ai primi giorni di febbraio.

CIÒ INDICA quindi come il virus SarsCoV2 circolasse in modo silente in Lombardia già un mese prima del caso diagnosticato in provincia di Lodi. Queste tre varianti hanno poi subito un'amplificazione tale da determinare la nascita di grandi focolai, nello specifico uno preponderante nel sud della Lombardia nelle province di Lodi e Cremona, e uno nel nord della Regione, prevalentemente nella Bergamasca tra il capoluogo e i comuni di Alzano Lombardo e Nembro.

Un prezioso contributo scientifico che conferma – se ancora ce ne fosse bisogno – una cosa chiara da tempo anche per chi scienziato non è. Il Covid-19 si sta rivelando così difficile da debellare anche per questa sua tendenza a mutare, tipica dei virus a Rna e non a Dna (come l'herpes e o il morbillo). Provando a renderlo comprensibile, significa che il fenotipo della malattia, ogni volta che si replica, deve riprodurre una sola catena genetica, invece che due (come nel caso del Dna). Questo espone il meccanismo a una percentuale di errori molto

più alta. Ecco perché esistono le varianti.

Significa che la malattia cambia? Per il momento non è ancora accaduto, né risulta che alcuna delle varianti finora individuate abbia modificato a fondo il virus. Esistono però degli anelli della catena che potremmo chiamare ininfluenti, altri che – invece – modificano il carattere del virus, per esempio rendendolo più contagioso. È il caso della variante inglese e – verosimilmente – di quelle lombarde individuate dallo studio in oggetto che hanno finito per prevalere sulle altre varianti.

ECCO PERCHÉ – come sottolineano i ricercatori del San Matteo, della Statale e del Niguarda – è di fondamentale importanza attivare una sorveglianza epidemiologica continua dei genomi circolanti del territorio per individuare nell'immediato nuove mutazioni, frenandone la diffusione. In una parola, se viene trovata una variante più aggressiva, è necessario cercarla dappertutto. E dove la si trova (sempre in parole povere), precauzioni doppie.

E lo stesso discorso, ovviamente, vale per la vaccinazione. se il virus muta significativamente, è bene saperlo in fretta prima di trovarsi di fronte a un antidoto meno efficace.



Peso: 2-15%, 3-15%