

Coronavirus. Sequenziati i genomi del paziente cinese e lombardo

Data: 3 febbraio 2020 | Autore: Redazione



Sequenziati i genomi del paziente cinese e lombardo. Da Iss e Celio. Brusaferro, più chiare caratteristiche coronavirus

ROMA, 2 MAR - Nuovo passo avanti nella conoscenza del virus SarsCov2: l'Istituto superiore di sanità (Iss) e il Dipartimento Scientifico del Policlinico Militare Celio di Roma hanno infatti sequenziato gli interi genomi del nuovo coronavirus isolati dal paziente cinese (ricoverato con la moglie all'Istituto Spallanzani di Roma, ora guariti entrambi) e dal paziente lombardo (il paziente uno di Codogno).

•

Presto sarà disponibile anche la sequenza di un paziente veneto, al fine di valutare correlazioni o differenze geografiche. Un risultato importante - dopo l'isolamento del virus effettuato allo Spallanzani e l'isolamento del ceppo italiano all'Ospedale Sacco di Milano - che avrà implicazioni significative: "Aver sequenziato i genomi del nuovo coronavirus isolati da questi due pazienti - spiega all'ANSA il presidente Iss, Silvio Brusaferro - ci aiuta a capire meglio le caratteristiche di questo virus, le sue modalità di trasmissione e, anche, ci aiuta ad interpretare l'andamento della sua diffusione". Insomma, il nuovo coronavirus ha, da oggi meno aspetti 'oscuri' agli occhi dei ricercatori, anche se la ricaduta in termini di possibili, future terapie mirate non è immediata: "Ai fini delle cure - sottolinea il presidente Iss - si creano i presupposti per poter approfondire le nostre conoscenze a tal fine, ma i tempi sono più lunghi". Un risultato rilevante, aggiunge Brusaferro, che evidenzia pure "l'importante

sinergia con la Sanità militare, che svolge un ruolo di altissimo livello".

- Allo Spallanzani ed al Sacco, chiarisce inoltre il direttore del Dipartimento Malattie infettive dell'Iss Gianni Rezza, "il SaRScOV2 è stato isolato e sequenziato in parte, ora c'è invece il sequenziamento completo del genoma del virus e questo ci dà molte informazioni in più e possiamo sapere che mutazioni ha fatto. Sostanzialmente - aggiunge - non ci sono mutazioni importanti rispetto al virus isolato a Wuhan, anche se qualche differenza è presente. Si rileva, cioè, qualche piccola mutazione, ma questo non dovrebbe comportare implicazioni particolari".
- Le applicazioni, afferma, "possono essere tante, anche ai fini degli studi per la messa a punto di un vaccino". Il sequenziamento ottenuto, insomma, permette di conoscere l'intero codice genetico del virus e di seguirne i cambiamenti nel tempo e nello spazio e ciò, chiarisce l'Iss, è utile per conoscere e seguire i focolai e per investigare la struttura del virus stesso.
- A una prima analisi, precisa dunque l'Iss, si evidenzia una stretta somiglianza tra il ceppo virale del paziente cinese ricoverato a Roma e il ceppo virale cinese di riferimento di Wuhan, evidenziando l'origine cinese del virus. Il ceppo virale cosiddetto "lombardo", così come alcuni ceppi isolati in altri paesi europei, presenta una elevata similitudine con il virus di Wuhan, dal quale si distingue per alcune mutazioni che "non dovrebbero comunque configurare diverse caratteristiche del virus". Altre analisi sono tutt'ora in corso per validare questi risultati. Le intere sequenze dei genomi viral realizzati nei laboratori Iss e Celio, annuncia l'Istituto, "sono a disposizione della comunità scientifica".

Articolo scaricato da www.infooggi.it

<https://www.infooggi.it/articolo/coronavirus-sequenziati-i-genomi-del-paziente-cinese-e-lombardo/119407>