Scritto da Red.
Mercoledì 02 Marzo 2022 12:56



ARIANO IRPINO – Un team di ricercatori del centro di ricerca irpino, guidato dal professore Michele Caraglia, ha identificato dieci ceppi di Sars-CoV2 mediante il sequenziamento dell'intero genoma virale nel periodo gennaio-maggio 2021, nei distretti di Avellino e Benevento.

Nonostante la straordinaria velocità nello sviluppo di vaccini contro il Covid-19 e pur con sforzi di vaccinazione di massa nel mondo, l'emergere di queste varianti compromette i progressi registrati nella guerra al virus. Il sequenziamento dell'intero genoma (Wgs) svolge un ruolo cruciale nella comprensione della malattia, e l'utilizzo, da parte di Biogem, di un algoritmo chiamato Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages (Pangolin) è particolarmente utile per le indagini, definendo un cluster filogenetico. Sulla base dell'aggiornamento epidemiologico Oms del giugno 2021, quattro diverse varianti principali di Sars-CoV-2 erano state identificate dall'inizio della pandemia: Alpha (B.1.1.7), descritta nel Regno Unito (Uk) a fine dicembre 2020; Beta (B.1.351), identificata per la prima volta in Sud Africa nel dicembre 2020; Gamma (P.1), comparsa in Brasile all'inizio di gennaio 2021; Delta (B.1.617.2), rilevata in India nel dicembre 2020.

Lo studio di Biogem, dal titolo 'Genomic characterization of the emerging Sars-CoV-2 lineage in two districts of Campania (Italy) using Next generation sequencing' e appena pubblicato sulla rivista *Frontiers in Virology, ha consentito di* individuare la sequenza completa del genoma virale nel Sars-CoV-2, a partire da 101 casi, tra i contagiati nei distretti di Avellino e Benevento.

All'inizio dell'epidemia (gennaio e febbraio 2021), la variante Alpha era presente nel 62% dei 35 campioni analizzati nel Beneventano, mentre questo ceppo compare ad Avellino solo in un secondo momento (da marzo a maggio) nel 64% dei 36 campioni analizzati.

La diffusione della variante Gamma, sempre nel periodo marzo-maggio 2021, è stata invece registrata in tutti i distretti con le stesse frequenze (circa il 21%). Sono state inoltre identificate 219 mutazioni missenso (sostituzione di una base azotata nel filamento di Dna) 'note' con differenti frequenze (114 in Orf 1a/1b; 12 in Orf 3a; 29 in S; 5 in M; 29 in N; e 5 ciascuna in Orf7a e ORF8).

I risultati ottenuti rivelano, per i mesi presi in considerazione dallo studio, la rapida diffusione in Campania di nuove varianti, e suggeriscono di sorvegliare con attenzione l'insorgenza delle varie mutazioni genetiche di Sars-CoV-2.