

Coronavirus: 1 anno da prima mappa genetica depositata dalla Cina, oggi più di 300.000 sequenze

Di Giuseppe Maritato

L'11 gennaio 2020 la Cina depositava la prima mappa genetica del virus responsabile della seconda pandemia del secolo. Oggi sono più di 300.000 le sequenze del virus SarsCoV2 depositate nelle banche dati internazionali e liberamente accessibili e grazie ad esse è possibile monitorare le mutazioni del virus e progettare i vaccini. L'analisi delle sequenze, per esempio, ha permesso anche di indentificare le due varianti del virus SarsCoV-2 al momento più diffuse in Italia: si chiamano 20A.EU1 e 20A.EU2, sono comparse in estate in Spagna e sono arrivate nel nostro Paese in autunno, probabilmente dopo la riapertura delle frontiere avvenuta in estate.

Una terza variante, la cosiddetta variante inglese (indicata con le sigle 20B/501Y.V1 o B.1.1.7), è per adesso meno diffusa e, alla luce dei dati più recenti, sembra circolare soprattutto in Campania e in Abruzzo. E' quanto emerge dalle ricerche condotte dal centro di biotecnologie avanzate Ceinge di Napoli.

“Il nostro obiettivo è identificare le varianti che si stanno diffondendo più velocemente e che potrebbero diventare dominanti nel prossimo futuro”, dice all'ANSA l'esperto di Bioinformatica dei Ceinge, Angelo Boccia. In Italia sono state ottenute circa 1.300 sequenze del virus dall'inizio della pandemia; in Gran Bretagna ne sono state invece ottenute diverse decine di migliaia grazie all'istituzione di un consorzio dedicato a questo obiettivo. “In Italia e in altri Paesi questo non è stato purtroppo ancora possibile, ma – osserva l'esperto – aiuterebbe molto la sorveglianza genetica”.

<https://www.abruzzolive.it/coronavirus-1-anno-da-prima-mappa-genetica-depositata-dalla-cina-oggi-piu-di-300-000-sequenze/>

