

PRIMO PIANO > SANITA'

Covid, Omicron: variante «BA.5» diffusa all'80% in Italia

Attualmente la sottovariante «BA.5» è la forma più diffusa del virus SarsCoV2 in Italia. È quanto emerge dall'analisi condotta per l'Ansa dal «Ceinge -Biotecnologie avanzate Franco Salvatore di Napoli», basata sulle sequenze depositate nella banca internazionale «Gisaid». «In quanto alla variante BA.2.75, che ha destato interesse per le numerose mutazioni e per la presunta maggiore capacità di diffusione, in «Gisaid» ad oggi non vi sono sequenze di origine italiana di questo sottotipo», osserva Angelo Boccia, del gruppo di Bioinformatica del Ceinge, coordinato da Giovanni Paoletta.

«Anche a livello globale - prosegue l'esperto - il numero complessivo delle sequenze depositate è fermo al momento a poche centinaia, sebbene con una distribuzione già di tipo internazionale». In Italia risulta che attualmente la BA.5 costituisce il 79,2% del totale delle sequenze del virus ottenute. Per la maggioranza (44%) a circolare è il sottotipo BA.5.1 che, però, «appare attualmente in calo, al contrario del sottotipo BA.5.2 che - rileva Boccia - appare in crescita e ha raggiunto il 10%. Difatti BA.5.1 e BA.5.2 non presentano differenze sostanziali a livello di sequenza, tranne che per una mutazione nel gene ORF10»

RIPRODUZIONE RISERVATA

[Covid, Omicron: variante «BA.5» diffusa all'80% in Italia - Il Mattino.it](https://www.ilmattino.it/covid-19/covid-19-variante-ba5-diffusa-all-80-in-italia)

MENU CERCA

IL MATTINO.it

Covid, Omicron: variante «BA.5» diffusa all'80% in Italia

PRIMO PIANO > SANITÀ
Lunedì 18 Luglio 2022



Attualmente la sottovariante «BA.5» è la **forma più diffusa** del virus SarsCoV2 in Italia. È quanto emerge dall'analisi condotta per l'Ansa dal «Ceinge -Biotecnologie avanzate Franco Salvatore di Napoli», basata sulle sequenze depositate nella banca internazionale «Gisaid». «In quanto alla variante BA.2.75, che ha destato interesse per le numerose mutazioni e per la presunta maggiore capacità di diffusione, in «Gisaid» ad oggi non vi sono sequenze di origine italiana di questo sottotipo», osserva **Angelo Boccia**, del gruppo di Bioinformatica del Ceinge, coordinato da **Giovanni Paoletta**.

Facebook

Twitter

Email