

Così il virus ha attaccato la Lombardia con un “assalto multiplo e concentrico”

Pubblicato: Venerdì 10 Luglio 2020



Il virus è entrato in Lombardia prima di quel che si pensasse in origine e, soprattutto, lo ha fatto con assalti multipli e concentrici di ceppi virali diversi ed è questo che potrebbe aver esacerbato la sua già elevatissima trasmissibilità.

Sono stati presentati questa mattina i risultati dello **studio promosso e sostenuto da Fondazione Cariplo** condotto dai ricercatori dell'**ospedale Niguarda di Milano** e della Fondazione IRCCS **Policlinico San Matteo di Pavia**. Si tratta dello studio più ampio condotto sino ad oggi sul **sequenziamento del virus SARS-CoV-2** in una stessa area geografica, che fotografa **quanto è accaduto dall'inizio dell'anno** attraverso un approccio scientifico “evidence-based”. Sono state **analizzate** le sequenze genomiche virali da circa **350 pazienti**, provenienti da aree diverse della Lombardia.

“L’analisi è foriera di importanti indicazioni per chi dovrà lavorare sul vaccino e sulle cure in futuro, per questo motivo i dati sono stati messi a disposizione della comunità scientifica internazionale con la modalità open access, secondo la policy in uso ormai da tempo in Fondazione Cariplo. In occasione della conferenza stampa, verrà comunicata la piattaforma open access presso quale tutti i ricercatori interessati potranno scaricare i dati riferiti alla ricerca.” **ha detto Giovanni Fosti, Presidente di Fondazione Cariplo.**

“I dati raccolti **mostrano inequivocabilmente** che il **virus è entrato in Lombardia prima** di quel che si pensasse in origine e, soprattutto, lo ha fatto **con assalti multipli e concentrici di ceppi virali diversi**, in luoghi diversi ma in tempi molto vicini tra loro” – spiega il responsabile scientifico dello studio **Carlo Federico Perno**, già Direttore della Medicina di Laboratorio del Niguarda.

“Il virus ha **caratteristiche genetiche molto più simili a quelli oggi presenti in Europa** che non a quelli circolanti in **Cina**. L’ingresso quindi non è diretto dalla Cina ma mediato da una fase Europea. Quando è stato riscontrato il **primo caso a Codogno**, in una forma leggermente diversa, lo stesso **era già presente nella zona nord** (includente Alzano e Nembro)” – aggiunge **Fausto Baldanti**, Responsabile del Laboratorio di Virologia molecolare del San Matteo e professore dell’Università di Pavia.

L’analisi comparativa dei genomi virali (condotta con metodi statistici), derivati da **tamponi raccolti dal 22 febbraio al 4 aprile 2020**, fa **risalire l’ingresso di SARS-CoV-2 in Lombardia verso la seconda metà di gennaio**. Il dato è corroborato dalla valutazione della sieroprevalenza di anticorpi neutralizzanti contro SARS-CoV-2 nei donatori di sangue della Zona Rossa di Lodi che, oltre che a consentire di stimare precisamente la diffusione dell’infezione, ha identificato 5 soggetti sieropositivi nel periodo tra il 12 e il 17 febbraio 2020 (Percivalle et al., Eurosurveillance, accepted). Tenendo conto che gli anticorpi neutralizzanti si sviluppano circa 3-4 settimane dopo l’infezione, questi dati dimostrano la presenza del virus a partire dalla seconda metà di Gennaio 2020.

Caratterizzando la variabilità virale riscontrata nel territorio e la distanza evolutiva rispetto ai virus circolanti nelle aree severamente colpite dalla pandemia, è stato possibile **identificare 2 maggiori catene di trasmissione virale**, che qui verranno identificate come A e B, circolanti in modo preponderante in due diversi territori municipali lombardi.

La catena di trasmissione A, caratterizzata da 131 sequenze, si è **diffusa principalmente nel nord della Lombardia a partire dal 24 gennaio**, con il territorio di Bergamo e dei suoi territori adiacenti (es. Alzano e Nembro) maggiormente rappresentati. **La catena B**, composta da 211 sequenze, più variabile, ha caratterizzato l’epidemia del sud della Lombardia almeno **a partire dal 27 gennaio**, con le province di **Lodi e Cremona** investite maggiormente.

Le differenze tra i ceppi virali sono comunque di numero limitato (appena 7 mutazioni nucleotidiche su un totale di circa 30.000 basi di genoma virale). “A latere dello studio – **spiega Perno** -, la scarsa variabilità virale riscontrata, sia nel tempo che nelle diverse aree geografiche, **supporta l’ipotesi di un vaccino efficace** e spinge ulteriormente la ricerca mondiale in questa direzione”.

La presenza di tali catene di trasmissione a partire dalla seconda metà di gennaio non esclude tuttavia la circolazione del virus anche in tempi precedenti, sebbene con modalità erratica e non riferibile a eventi massicci di trasmissione.

“Non è possibile escludere, dunque, che tale circolazione silente, multipla e simultanea di ceppi diversi, possa aver esacerbato la già elevatissima trasmissibilità del virus – **concludono i ricercatori** – e aver creato così una vera tempesta virale in una regione densamente popolata, come la Lombardia, rendendo difficili gli interventi di contenimento della diffusione stessa”.

“Negli ultimi mesi siamo stati tutti impegnati a combattere questo virus del tutto sconosciuto fino a poco tempo fa era. I nostri ospedali si sono dovuti velocemente organizzare per dare una risposta alle decine e decine di pazienti che quotidianamente arrivavano in Pronto Soccorso con gravissimi problemi polmonari. – **commenta Marco Bosio, Direttore Generale dell’Ospedale Niguarda**– Oltre a questo, però, i professionisti si sono messi al lavoro con analisi, studi e ricerche per cercare di capire meglio come contrastare efficacemente la pandemia. Niguarda è un luogo di cura e di cultura e svolge una intensa attività di ricerca, paragonabile a quella svolta nei più grandi IRCCS. La dimostrazione è lo

studio presentato oggi, ideato dal Prof Perno, con la preziosa collaborazione della Fondazione San Matteo di Pavia e con il supporto indispensabile di Fondazione Cariplo”.

Redazione VareseNews

redazione@varesenews.it