

Varianti Covid, dall' indagine rapida dati non omogenei

Redazione ANSA

Esperti, servirebbe un programma nazionale



Non sono omogenei i dati della prima indagine rapida sulle varianti poiché sono basati su tecniche di analisi diverse e di conseguenza non confrontabili tra loro, non si indicano inoltre quali siano gli 84 laboratori abbiano partecipato né dove si trovino. Lo rilevano il virologo Francesco Broccolo, dell'Università di Milano Bicocca, e il genetista Massimo Zollo, dell'Università Federico II di Napoli e coordinatore della Task force Covid-19 del Ceinge-Biotecnologie avanzate, secondo i quali sarebbe necessario un programma nazionale centralizzato. Attualmente, rilevano i due esperti, "non è possibile risalire alle regioni in cui sono localizzate le varianti. Anche la forbice trovata, che va dallo 0,5% al 59%, è troppo ampia per dare qualsiasi indicazione valida".

Dall'analisi dei dati dell'indagine rapida del 4 e 5 febbraio a cura di ministero della Salute e Fondazione Bruno Kessler, emerge una "situazione non chiara" relativa alla forbice che dallo 0,5% al 59% di presenza della variante B.1.1.7 UK in Italia: "è una forchetta troppo ampia per avere un senso e potrebbe essere un riflesso della diversa diffusione nelle regioni, ma dipende senz'altro dalle metodiche utilizzate per rilevare le varianti", rileva Broccolo.

C'è un'eterogeneità di metodi tale che "non abbiamo i dati grezzi associati ai vari laboratori e ai diversi approcci metodologici seguiti. Di conseguenza - prosegue il virologo - non è possibile arrivare a

conclusioni critiche: non sappiamo se le percentuali più basse siano associate ai territori o ai laboratori che hanno utilizzato un metodo piuttosto che un altro. A tutto questo si somma la diversità dei campioni raccolti nelle regioni".

Dalla logica che si sta seguendo arrivano "dati insufficienti", rileva Zollo. Per il genetista sarebbe necessario un programma con un coordinamento nazionale, e non regionale, che preveda il sequenziamento a tappeto dei campioni di virus in tutte le regioni con criteri uniformi e affidato a centri eccellenza nel campo della genetica molecolare. Un'attività di mera diagnostica di sequenziamento dell'intero virus non può essere infatti affidata agli ospedali, in quanto richiede tempi molto lunghi. Soltanto così - secondo l'esperto - ci saranno elementi sufficienti per dire se nel tempo una variante prende piede". Dello stesso avviso è Broccolo che rileva che, oltre al sequenziamento a tappeto dei campioni scelti con criteri uniformi, sarebbe opportuno inserire uno screening per l'identificazione delle varianti con metodi molecolari rapidi e economici già disponibili.

RIPRODUZIONE RISERVATA © Copyright ANSA

[Varianti Covid, dall' indagine rapida dati non omogenei - Biotech - ANSA.it](#)



The image is a screenshot of a news article from ANSA, dated February 27, 2021. The article is titled "Varianti Covid, dall' indagine rapida dati non omogenei" and is categorized under "Scienza/Health". The main headline is "Varianti Covid, dall' indagine rapida dati non omogenei" with a sub-headline "Esperti, servirebbe un programma nazionale". The article features a central image of a pink coronavirus particle with a blue DNA double helix inside, set against a blue background with a grid pattern. The text of the article discusses the lack of uniformity in rapid testing methods across different laboratories, which leads to inconsistent data. It mentions that 84 laboratories participated in the study, but the results are not comparable because they used different analysis techniques. The article also notes that the data shows a 0.5% prevalence of the B.1.1.7 UK variant in Italy, which is a significant finding given the current prevalence of other variants. The article concludes by stating that a national, centralized program is needed to ensure uniformity in testing methods and to accurately track the spread of different COVID-19 variants.