

Variante Delta, in Lombardia corre: è già al 3,2%. I dati Ceinge: «Quadro preoccupante». Il nuovo test rapido per il sequenziamento

La variante Delta si sta diffondendo in Italia con un ritmo esponenziale: dall'1% rilevato il 18 maggio scorso dall'Istituto Superiore di Sanità, a metà giugno aveva raggiunto il 3,4% per salire al 9% pochi giorni dopo. Ciò solo sulla base delle sequenze depositate nella banca dati internazionale Gisaid ed elaborati dagli informatici del Ceinge. In Lombardia è presente nel 3,2% dei casi di nuovi positivi al Covid.

In Lombardia la variante Delta è al 3,2% sul totale dei positivi al Covid

In Lombardia la variante indiana è al 3,25%. Lo dice la vicepresidente della regione Letizia Moratti. Il dato si riferisce al mese di giugno, mentre la sottovariante 'K' è allo 0,8%. Lo ha detto l'assessore al Welfare Letizia Moratti, durante una conferenza stampa. «Qui - ha spiegato - abbiamo deciso di sequenziare tutti i positivi e a giugno come variante prevalente abbiamo la variante inglese (64%)». Poi, appunto, la variante indiana, come Delta al 3,25%, come Kappa allo 0,8%. «Sono numeri più alti della settimana scorsa perché abbiamo deciso di sequenziare tutti i positivi. I vaccini sono l'arma più efficace», ha aggiunto.

I dati depositati ieri sera dal Piano di sorveglianza genomica della Regione Campania mostrano un incremento fino al 25%. Lo ha detto all'Ansa il presidente del Ceinge-Biotecnologie Avanzate di Napoli, Pietro Forestieri. «Il quadro che emerge solo da questi dati, peraltro parziali, è preoccupante - ha osservato - considerando che dobbiamo aspettarci numeri progressivamente e costantemente più alti, con il deposito di ulteriori virus sequenziati».

Un nuovo test rapido e low cost per scovare in tempo reale le varianti (anche la Delta)

Si chiama COVseq. Lo hanno sviluppato i ricercatori del Karolinska Institutet di Stoccolma e l'Istituto di Candiolo FPO-IRCCS e Ospedale Amedeo di Savoia di Torino, grazie ai fondi del 5x1000 dell'IRCCS Candiolo. Il test sarà utile anche per la mappatura del genoma dei tumori. Cosa fa? Scova le nuove varianti in tempo reale, dimezzando i tempi di mappatura genomica oggi necessari e con costi ridotti. Con COVseq «siamo in grado di sequenziare centinaia di campioni virali a settimana a un costo al di sotto di 15 Euro a campione, notevolmente inferiore rispetto a quello delle metodiche attualmente disponibili - spiega Nicola Crosetto, primo autore della pubblicazione e coordinatore della ricerca -. COVseq consente l'analisi genetica in parallelo delle sequenze di più di un campione utilizzando volumi di reazioni molto piccoli, grazie a una particolare apparecchiatura già disponibile anche a Candiolo e una tecnica chiamata multiplex PCR per amplificare l'intero genoma virale. Successivamente - aggiunge - ogni campione viene taggato, cioè contrassegnato con un codice a barre molecolare, un'etichetta che lo distingue da tutti gli altri rendendolo univoco. Ciò rende possibile analizzare in tempi rapidi, e con costi

contenuti, tantissime sequenze genomiche». La metodica COVseq è già pienamente funzionante a Candiolo, dove la si sta ulteriormente validando, in parallelo a kit diagnostici approvati dall'Autorità, nell'ambito della sorveglianza genomica del SARS-CoV-2 che l'Istituto di Candiolo effettua settimanalmente per la Regione Piemonte e mensilmente per l'Istituto Superiore di Sanità. Dunque, grazie a COVseq, rileva Antonino Sottile, Direttore Generale dell'Istituto di Candiolo FPO-IRCCS e co-autore dello studio, «abbiamo ora a disposizione uno strumento efficace e a basso costo per continuare la sorveglianza genomica nei prossimi mesi, cruciali al fine di intercettare tempestivamente la comparsa di nuove varianti virali nella popolazione già vaccinata, soprattutto nei soggetti fragili come i malati oncologici».

Dall'inizio della pandemia, migliaia di sequenze del genoma del virus SARS-CoV-2 responsabile della malattia Covid-19, sono state prodotte in tutto il mondo e messe a disposizione della comunità scientifica tramite la piattaforma GISAID. Questo sforzo ha consentito di identificare tempestivamente la comparsa e la diffusione globale di nuove varianti virali dotate di maggiore trasmissibilità e patogenicità, quali le cosiddette varianti inglese, sudafricana, brasiliana e indiana, recentemente ribattezzate rispettivamente in Alpha, Beta, Gamma e Delta dall'Organizzazione Mondiale della Sanità. Ma per una sorveglianza globale del virus SARS-CoV-2, sottolineano gli autori dello studio, è fondamentale sviluppare nuove metodiche che consentano il sequenziamento di un elevato numero di campioni a costo contenuto. Il nuovo test presenta inoltre un ulteriore vantaggio. Oltre al nuovo Coronavirus, COVseq può infatti essere facilmente adattato al sequenziamento di altri virus di rilevanza epidemiologica, oppure di virus che causano immunodepressione e possibile insorgenza di malattie ematologiche. Inoltre, tale metodica può essere utilizzata per il sequenziamento del DNA delle singole cellule che compongono il tumore per garantire terapie sempre più personalizzate e mirate. Pertanto, COVseq «rappresenta un nuovo importante strumento diagnostico a disposizione della sanità italiana», conclude Anna Sapino, Direttore Scientifico dell'Istituto di Candiolo FPO-IRCCS e co-autrice dello studio.

[Variante Delta, in Lombardia corre: è già al 3,2%. I dati Ceinge: «Quadro preoccupante». Il nuovo test rapido per il sequenziamento \(ilgazzettino.it\)](#)

MENU CERCA

IL GAZZETTINO.it

ITALIA

Variante Delta, in Lombardia corre: è già al 3,2%. I dati Ceinge: «Quadro preoccupante». Il nuovo test rapido per il sequenziamento

ITALIA > PRIMO PIANO
Mercoledì 23 Giugno 2021



La variante Delta si sta diffondendo in Italia, con un ritmo esponenziale: dall'1% rilevato il 18 maggio scorso dall'Istituto Superiore di Sanità, a metà giugno aveva raggiunto il 3,4% per salire al 5% pochi giorni dopo. Ciò solo sulla base delle sequenze depositate nella banca dati internazionale GISAID ed elaborati dagli informatici del Ceinge. In Lombardia è presente nel 3,2% dei casi di nuovi positivi al Covid.