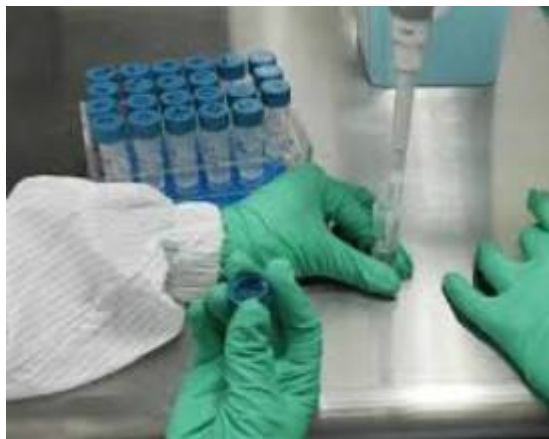


CORONAVIRUS: IN GERMANIA PRIMO FOCOLAIO EUROPEO, LO INDICANO LE MAPPE GENETICHE

5 Marzo 2020



ROMA – Silenzioso e impercettibile, il primo focolaio dell'epidemia del nuovo coronavirus è comparso in Germania, a Monaco, e potrebbe essere collegato a molti casi in Europa e in Italia.

L'Europa è anche una delle tre vie che il coronavirus SarsCoV2 ha seguito per diffondersi dalla Cina nel resto del mondo, ha spiegato all'Ansa la virologa Ilaria Capua, direttrice del centro 'One Health' dell'università della Florida.

Le altre due vie sono quelle dalla Cina vanno verso gli Stati Uniti e verso Corea e Australia.

“Va sfatato – ha aggiunto Capua – il mito che l'Italia abbia diffuso il virus” e “il dato evidente è che la dinamica dell'infezione in Europa è diversa da quella raccontata finora”.

Sono numerosi i gruppi di ricerca che stanno seguendo le tracce del virus scavando nei dati delle oltre 150 sequenze genetiche depositate nelle due grandi banche dati chiamate Gisaïd e GeneBank, liberamente accessibili.

Esattamente 14 anni fa la virologa si era battuta perché strumenti del genere venissero messi a disposizione degli studiosi di tutto il mondo.

La lotta di allora riguardava le sequenze genetiche dei virus dell'influenza, oggi le banche dati si rivelano cruciali per ricostruire il cammino dell'epidemia Covid-19.

Dall'Italia sarebbe utilissimo avere un maggior numero di sequenze per rintracciare il cammino del virus, ha rilevato Capua, ma “è comunque inutile cercare ancora di rintracciare il paziente zero: potrebbe essere uno, ma potrebbero essere centinaia”.

Quello che sappiamo è che il nuovo coronavirus è arrivato in Europa dalla Cina probabilmente in gennaio, portato da centinaia di persone”.

Quando un virus si diffonde, infatti, può mutare in modo casuale e tracciare questi cambiamenti permette di seguirne l'evoluzione, individuando collegamenti a prima vista insospettabili. Per questo è molto importante ottenere le sequenze genetiche del coronavirus SarsCoV2: analizzandole i ricercatori stanno costruendo un albero genealogico del virus quasi in tempo reale.

E' quanto accade sul sito web aperto chiamato Nextstrain, fondato e diretto dal gruppo guidato da Trevor Bedford, del Fred Hutchinson Cancer Research Center di Seattle.

Qui vengono confrontate e analizzate le sequenze del nuovo coronavirus per rintracciare somiglianze di famiglia, come quelle che indicano come l'Europa costituisca un'area unica, distinta da quella di Stati Uniti e Corea.

Tutto questo è un esempio eloquente della velocità con cui vengono prodotti risultati scientifici, nella prima epidemia della storia seguita con un questo dettaglio e quasi in tempo reale, per fornire il virus lungo il suo cammino e per andare a scoprire scenari che a volte sono molto diversi dalle impressioni che si potrebbero avere a prima vista.

E' così, per esempio, che "dal primo febbraio circa un quarto delle nuove infezioni in Messico, Finlandia, Scozia e Italia, come i primi casi in Brasile, appaiono geneticamente simili al focolaio di Monaco", ha detto Bedford.

"Il fatto che un focolaio sia stato identificato e contenuto - ha aggiunto - non significa che questo caso non continui ad alimentare una catena di trasmissione non rilevata finché non cresca tanto da avere dimensioni consistenti".

Ed è così, infine, che la sequenza genetica del virus presente nel primo caso rilevato in Brasile a fine febbraio, un uomo di 61 anni tornato dalla Lombardia, ha ricondotto a focolaio in Germania, scaturito da un passeggero malato che aveva viaggiato dalla Cina.