



AGGIORNATO ALLE 10:36 - 30 GENNAIO

**la Nuova** di Venezia e Mestre[Noi](#) [EVENTI](#) [NEWSLETTER](#) [LEGGI IL QUOTIDIANO](#) [ABBONATI](#)

Venezia » Regione

## Covid, in Veneto presenti 11 varianti del virus



I dati dell'Istituto zooprofilattico regionale. Tra i tipi circolanti non sono stati trovati quelli delle varianti sudafricana e brasiliana

2 ARTICOLI RIMANENTI

STAI CON NOI! Accedi a tutti gli articoli del sito a 1 euro al mese per 3 mesi

[ABBONATI](#)[Registrati](#)

LEGNARO. Appartengono a **11 diverse varianti** i virus Sars-Cov-2 **caratterizzati** in Veneto da **novembre a oggi**. Il dato emerge dal terzo report dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (IZSVE), pubblicato venerdì 29 gennaio, in cui sono descritte le caratteristiche genetiche del Coronavirus, per un totale di **61** campioni analizzati.

Delle 11 varianti individuate, **quattro** appartengono a una di quelle selezionate dal **Centro Europeo** per la prevenzione e controllo delle malattie (Ecdc), che destano **preoccupazione** e da monitorare con maggiore attenzione.

Nessuno dei campioni analizzati finora appartiene alla variante **sudafricana** o a quella **brasiliiana**. La variante **inglese** è stata identificata finora in **5** campioni, appartenenti tutti a persone provenienti dall'estero, da non attribuire quindi a casi circolanti sul territorio regionale.

Il numero di campioni sequenziati ad oggi - precisa l'Iszve - è limitato rispetto al numero di casi positivi in Veneto, e fornisce solo una fotografia **parziale** delle possibili varianti circolanti nel territorio.

I dati raccolti sono trasmessi in tempo reale all'Istituto Superiore di Sanità e saranno convogliati nel nuovo Consorzio Italiano per la genotipizzazione e fenotipizzazione del virus, promosso dal Ministero della Salute e coordinato dall'Iss, con il compito di seguire **l'evoluzione** del virus.

"Le mutazioni nel genoma di virus a Rna come SARS-CoV-2 - commenta Calogero Terregino, direttore della Struttura Ricerca e Innovazione - sono eventi naturali e attesi. In questo momento è importante sequenziare il genoma del virus, perché ci permette di **identificare** nuove varianti virali che possono modificare l'andamento e l'impatto dell'epidemia".

"Gli elementi cruciali che definiscono le dinamiche di **interazione** di SARS-CoV-2 con la popolazione ospite - ha aggiunto Terregino - sono rappresentati da cambiamenti nella **trasmissibilità** del virus, nella gravità della malattia e nella capacità del virus di sfuggire all'immunità acquisita (post-infezione o vaccinazione), e dai test diagnostici in uso".

PUBBLICITÀ



2 ARTICOLI RIMANENTI



STAI CON NOI! Accedi a tutti gli articoli del sito a 1 euro al mese per 3 mesi

ABBONATI

Registrati