

AL VIA NUOVA INDAGINE ISS

Varianti, pochi test: così sfuggono le mutazioni del virus

L'Iss farà una mappatura su mille campioni, ma il target Ue del 5% è lontano

Parte in tutta Italia una nuova indagine veloce dell'Istituto superiore di sanità per mappare la diffusione delle varianti del Covid. Dopo quella effettuata nelle scorse settimane per la mutazione cosiddetta inglese che ha mostrato una prevalenza del 18% di questo ceppo, la nuova "quick survey", su 1.058 campioni che verranno analizzati, riguarderà tutte e tre le varianti più diffuse: la Uk, la brasiliana e la sudafricana. L'obiettivo, chiarisce una circolare del ministero della Salute, è identificare, tra i tamponi con risultato positivo possibili casi di infezione riconducibili a varianti e la valutazione prenderà in considerazione i campioni notificati il 18 febbraio. Dallo studio deriverà quindi una mappatura di prevalenza delle diverse mutazioni.

La nuova indagine prova a colmare così un gap sulla caccia alle varianti che è ancora molto lontana

dalle performance di altri Paesi come l'Inghilterra e dall'obiettivo minimo fissato dalla Ue che ha indicato il 5% di tamponi positivi da sequenziare. A sottolineare questi ritardi dell'Italia è il presidente della fondazione **Gimbe Nino Cartabellotta**: «L'ultimo report dell'Ecdc rileva che la maggior parte dei Paesi europei non raggiunge l'obiettivo raccomandato dalla Commissione Ue di sequenziare almeno il 5%, idealmente il 10% dei campioni positivi». «Nell'ultima valutazione della Commissione europea di metà gennaio - continua Cartabellotta - la percentuale di casi sequenziati e pubblicati nella banca dati Gisaïd da parte dell'Italia era pari allo 0,034%». «Inoltre - conclude il presidente di **Gimbe** -, la limitata capacità di sequenziamento dell'Italia emerge dalle sequenze depositate sull'archivio internazionale Gisaïd.

Infatti, al 17 febbraio 2021 per la variante inglese l'Italia ha contribuito con 541 sequenze, rispetto alle oltre 70.000 del Regno Unito e più di 1.600 dalla Danimarca. Solo 3 sequenze, tutte dall'Abruzzo, depositate per la variante brasiliana e nessuna di quella sudafricana».

—**Mar.B.**

▷ RIPRODUZIONE RISERVATA



**NINO
CARTABELLOTTA**
Presidente
Fondazione
Gimbe



Peso: 8%