

## LE DICHIARAZIONI

*Per il dott. **Francesco Locati**, direttore generale ASST Bergamo Est: “Il prosieguo dell’importante partnership con l’Istituto Mario Negri ci sta consentendo di identificare con celerità le nuove varianti del virus. È determinante avere informazioni di questa natura per rivedere e perfezionare modelli e protocolli. Il tempo guadagnato può fare la differenza. I processi, che necessitano di metodologie e personale dedicato, sono complessi: il campione deve essere trattato e processato nella cabina di sicurezza di un laboratorio e può durare giorni. Consente di individuare subito le varianti emergenti, adeguando in anticipo le politiche di sanità pubblica per prepararsi ad eventuali nuove ondate.*

*Il sequenziamento resta lo strumento fondamentale per comprendere l’evoluzione del virus e come le nostre difese devono adattarsi. Questi dati possono rivelare importanti informazioni, compresi andamenti epidemiologici che i dati sui pazienti, da soli, non sono in grado di evidenziare. Monitorare l’evoluzione di SARS-CoV-2 è utilissimo per sviluppare e mantenere la precisione della diagnosi di COVID-19: se i test vanno alla ricerca di caratteristiche virali rese obsolete dall’evoluzione, potrebbero diventare inaffidabili nel tempo o in luoghi diversi. Anche la progettazione dei vaccini è collegata direttamente all’informazione genomica.*

*Il nostro ringraziamento va al Prof. Giuseppe Remuzzi e ai suoi collaboratori per questa partecipazione che incrementa e arricchisce le attività e le prestazioni nelle quali l’ASST Bergamo Est è impegnata”.*

*“La pandemia non è finita e la risalita dei contagi in questi giorni, spinta dall’emergente BA.2 ne è la dimostrazione - spiega **Ariela Benigni**, segretario scientifico del Mario Negri e coordinatore delle ricerche di Bergamo e Ranica -. La sottovariante di Omicron BA.2 è più infettiva dell’originaria e colpisce chi ha un sistema immunitario più debole, come gli anziani, ma la vaccinazione a ciclo completo e i nuovi farmaci contro il Covid-19 ci danno un certo margine di tranquillità.”*

*“Dai dati preliminari che ci arrivano dal Sud Africa, dal Regno Unito e dalla Danimarca – spiega **Giuseppe Remuzzi**, direttore dell’Istituto Mario Negri – dove l’immunità ottenuta grazie alla vaccinazione o in seguito all’infezione con il virus è molto alta, non emerge una differenza nella severità della malattia causata da Omicron 2 (BA.2) rispetto a Omicron (BA.1). Inoltre, gli studi ci dicono che la malattia causata da Omicron 1 ci garantisce una forte protezione contro un’eventuale reinfezione da Omicron 2. Resta comunque prioritaria la vaccinazione, completa di terza dose – prosegue – che protegge dalla malattia grave. Purtroppo il numero di non vaccinati è ancora alto per diverse fasce d’età, compresi i bambini, e questo rappresenta un ampio bacino di diffusione per il virus.”*

*“La variante Omicron BA.2 deve continuare ad essere considerata una cosiddetta 'variant of concern' e ad essere monitorata come un distinto sottolignaggio della Omicron BA.1 – commenta **Annapaola Callegaro**, direttore dell'Unità operativa Complessa di Medicina di Laboratorio dell'Asst Bergamo Est al quale fa capo il*

*Laboratorio del Presidio Ospedaliero Territoriale (POT) di Calcinate –. Contiene infatti, nella proteina spike mutazioni diverse dalla Omicron BA.1. Sembrerebbe essere più contagiosa di Delta e di Omicron BA.1 – continua – e in grado di infettare maggiormente anche le persone vaccinate. È la direzione in cui va uno studio Danese che ha analizzato un campione in ambiente domestico tra dicembre e gennaio (8541 le persone considerate): laddove era presente la versione originaria (BA.1) la probabilità che un congiunto si infettasse era del 29% mentre quelle in cui era presente BA.2 il tasso risultava del 39%. Le successive analisi hanno confermato che le persone non vaccinate sono quelle più vulnerabili all'infezione. Nel mondo BA.1 rappresenta oltre il 98% dei casi di Omicron – aggiunge – mentre in Danimarca BA.2 è diventato il ceppo dominante nella seconda settimana di febbraio e sta emergendo anche in altri paesi come in Francia e in Italia. È evidente come sia importante da un punto di vista epidemiologico e clinico continuare a monitorare l'insorgenza delle varianti virali di SARS-CoV-2 in particolare utilizzando il sequenziamento che è l'unico che consente di identificare i sub-lineage delle varianti principali e altre proteine del virus,” conclude crude Annapaola Callegaro.*