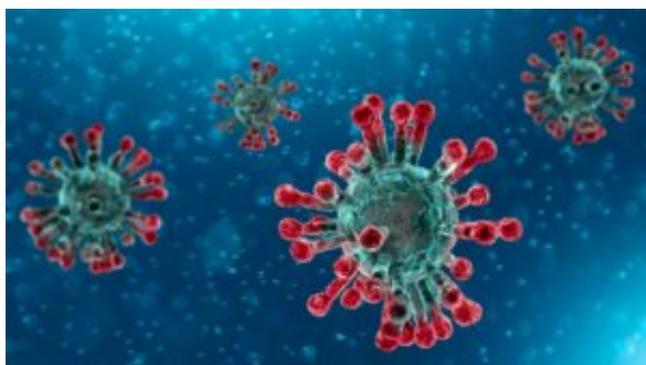




Il lavoro è stato svolto dal gruppo di Università Statale di Milano e Ospedale Sacco, coordinato da Gianguglielmo Zehender, Claudia Balotta e Massimo Galli, lo stesso che ha portato a termine l'isolamento di 3 ceppi di coronavirus Covid-19 dei ceppi attualmente circolanti nell'area di Codogno



Milano,

4 marzo 2020 - L'analisi filogenetica dei primi 3 genomi completi, ottenuti dagli isolati italiani di SARS-CoV-2 circolanti in Lombardia e sequenziati al Sacco il 27 febbraio, ha dimostrato che risultano essere inclusi in un unico cluster di genomi isolati in altri paesi Europei (in particolare in Germania e Finlandia) e in paesi dell'America Centrale e Meridionale, oltre che all'isolato italiano recentemente pubblicato dall'ISS e ottenuto nell'area del Lodigiano. L'analisi conferma comunque l'origine cinese dell'infezione.

La

stima preliminare del tempo di origine di questo cluster corrisponde ad un periodo che precede di diverse settimane il primo caso evidenziato in Italia il 21 febbraio.

L'analisi

in corso di ulteriori genomi consentirà di ottenere stime più precise
sull'ingresso del virus nel nostro Paese e sulle possibili vie di diffusione.