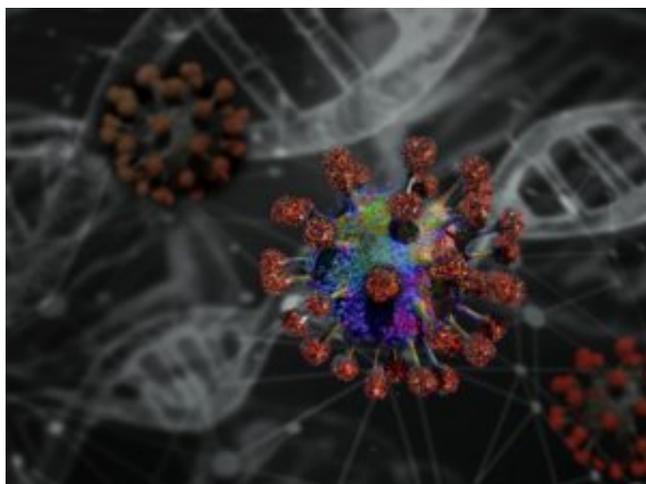




*L'efficacia della campagna vaccinale dipenderà anche dall'individuazione dei serbatoi epidemici. Lo spiega lo studio internazionale firmato da 28 scienziati guidati da Massimo Ciccozzi, Davide Zella e Marco Salemi*



Roma, 17 dicembre 2020 - Il SARS-CoV-2 si è diffuso in Italia attraverso ben tredici diversi ceppi virali. E a favorire dopo l'estate la ripresa della pandemia da Covid-19 sono stati i soggetti superdiffusori insieme ai microfocolai locali di cui si è perso rapidamente il controllo. Sono alcune delle conclusioni a cui è arrivato il team internazionale di 28 scienziati guidato dal prof. Massimo Ciccozzi responsabile dell'unità di Statistica medica ed epidemiologia della facoltà di Medicina e Chirurgia dell'Università Campus Bio-Medico di Roma con Davide Zella dell'Istituto di Virologia umana del Maryland, Usa e Marco Salemi dell'Università della Florida.



*Prof. Massimo Ciccozzi*

Lo studio, un contributo sul portale MedRxiv aperto ai commenti della comunità scientifica, mostra come la pandemia italiana da Covid-19 sia caratterizzata da una diffusione a cluster in ambienti come quelli familiari, le comunità e nelle residenze sanitarie e certifica che l'aumento della mobilità durante l'estate scorsa ha permesso al virus di “liberarsi” e uscire da quegli ambiti chiusi nei quali era rimasto contenuto fino alla fine della primavera, grazie alle restrizioni osservate nel lockdown.

Un radicale cambiamento nei comportamenti generali che ha portato alla perdita del tracciamento dei contatti e alla nuova escalation di contagi e decessi degli ultimi mesi.

“I cluster - spiega il prof. Ciccozzi - agiscono come “serbatoi nascosti” della malattia. Piccoli gruppi di individui inizialmente contagiati da un soggetto cosiddetto “superdiffusore” e poi in grado di contagiare a loro volta a causa della riduzione dei limiti e delle restrizioni al movimento delle persone”.

Inoltre, secondo lo stesso studio, le mutazioni in questo virus che differenziano i 13 ceppi in circolazione in Italia, pur avendo inciso sul livello di contagiosità non modificano la patogenicità del virus né quindi la sua capacità di farci ammalare e di uccidere. “Infatti - spiega ancora Ciccozzi - la mutazione DG614 che abbiamo individuato lo scorso marzo e che ha reso il virus più contagioso è stata trovata nel 98 per cento delle sequenze genomiche italiane depositate in banca dati”.

“In altre parole, se la capacità dei diversi ceppi di trasmettere la malattia varia, non sono cambiati fino ad ora, in base al ceppo, i meccanismi attraverso i quali il virus riesce a entrare nell'organismo umano e a farci ammalare - conclude Ciccozzi - Dal punto di vista evolutivo questo significa che la proteina Spike su cui i vaccini a RNAm si basano non sembra ad ora coinvolta in queste mutazioni. Quindi l'efficacia

vaccinale dichiarata resta invariata”. Questo elemento risulta particolarmente importante in vista dell’avvio della campagna vaccinale nazionale.