

11 Febbraio

Cambio di paradigma: tracciare il covid-19 piuttosto che le persone

Una gabbia andò in cerca di un uccellino
Franz Kafka

Nelle prime fasi della pandemia il *tracciamento delle persone* sembrava essere una delle strategie vincenti per prevenire, circoscrivere e disattivare un focolaio covid-19. La tecnologia del web sembrava essere il sistema migliore o almeno quello al momento disponibile più praticabile.

Dopo circa un anno è cambiato il paradigma: *non è tanto importante tracciare le persone ma tracciare (sequenziale) il sars-cov-2*. La diffusione, ormai giornaliera, delle nuove varianti del coronavirus potrebbe essere il segnale di una *nuova pandemia* di covid-19, molto più misteriosa e preoccupante della precedente.

Sostanzialmente per il virus non è cambiato niente, continua a fare quello che gli viene naturale ed in più si evolve con una rapidità considerevole a partire dal ceppo originale, il *famigerato wuhan-hu-1* dando origine a uno indefinibile numero di varianti di cui sappiamo poco o nulla.

Stiamo finalmente realizzando che non tutte le sequenze del Sars-Cov2 in giro per il mondo sono uguali, ma presentano differenze lungo la loro sequenza, mutazioni che possono determinare comportamenti imprevedibili di questi nuovi coronavirus.

Conoscere la sequenza di una variante comporta numerosi vantaggi, come ad esempio la possibilità di poterlo seguire nel tempo e nello spazio, inoltre dal *sequenziamento* possiamo risalire a quante varianti sono in circolazione, identificarle e circoscrivere così l'origine di nuovi focolai ma anche la loro estinzione. Tutte queste operazioni sono imprescindibili ed indispensabili per prevenire un'ipotetica possibile seconda ondata.

Inoltre è da considerare che le *mutazioni/delezioni* all'interno delle varianti potrebbero ridurre l'efficienza dei test diagnostici, gli attuali test molecolari si basano su "sonde" che sono in grado di agganciare sequenze specifiche del RNA virale ottenuto attraverso i tamponi. Il *sequenziamento* potrebbe aiutarci a capire perché alcune persone mostrano pochi o nessun sintomo al contrario di altre, o perché esistono così tante differenze a livello clinico. Ciascuna di queste sequenze genetiche memorizzate ha anche una *grande quantità di metadati* ad essa collegati che forniscono informazioni di identificazione aggiuntive e utili.

In conclusione il *sequenziamento* genico è utile non solo per capire come si sia diffuso e da dove provengono le varianti, ma anche per definire come stia evolvendo, se c'è un relazione tra i pazienti con carica virale altissima e gli asintomatici e se queste differenze siano correlabili alla sequenze delle variante.

Uno studio pubblicato nel 2017 su *Frontiers in microbiology* (The Public Health Impact of a Publically Available, Environmental Database of Microbial Genomes) che mostra come l'espansione dei focolai tende ad essere circoscritta quando si applicano procedure di *sequenziamento* per tenere traccia dei contagi.

Come organizzare una rete nazionale per il *sequenziamento* ?

To be continued...

Riferimento

Stevens Elet al

The Public Health Impact of a Publically Available, Environmental Database of Microbial Genomes.

Front Microbiol. 2017 May 9;8:808.