

12 febbraio

Perché siamo assenti dalla piattaforma GISAID?

*Quello che ci manca ci attira.
Nessuno ama la luce come il cieco.*
Victor Hugo

La sindrome respiratoria acuta grave da coronavirus 2 (SARS-CoV-2) ha causato una crisi mondiale con profondi effetti sia sulla salute pubblica che sull'economia. Al fine di combattere la pandemia i gruppi di ricerca impegnati nel sequenziamento hanno condiviso i loro dati attraverso la **GISAID Global Initiative on Sharing All Influenza Data**. In questa nuova fase della pandemia questa strategia di condivisione sta risultando di enorme utilità alla luce dell'incremento delle varianti ed alla necessità di sequenziale.

La piattaforma **GISAID** accoglie i dati da molte discipline, con leader nei settori della medicina veterinaria, della medicina umana, della bioinformatica, dell'epidemiologia. Questo *contenitore interdisciplinare* fornisce sempre nuovi mezzi per comunicare e condividere informazioni, anche ogni disciplina ha interessi distinti, condivide anche obiettivi simili. La nozione di *condivisione* non solo dei dati, ma anche dei benefici della ricerca risultante, ha rappresentato un "cambio di paradigma" che mette i contributori provenienti da ambienti con risorse più alte e più basse su un piano di parità. A differenza dei database di dominio pubblico come **GenBank ed EMBL**, gli utenti di **GISAID** devono per poter operare confermare la loro identità e accettare un accordo di accesso ai database che regola il modo in cui i dati possono essere utilizzati.

Nell'ultimo anno, nella piattaforma **GISAID** sono state depositate **290.000** sequenze proteomiche complete di SARS-CoV-2. Il tasso di *mutanti non sinonimi* sull'intero proteoma virale indica che le proteine SARS-CoV-2 stanno mutando a velocità sostanzialmente diverse, con la maggior parte delle proteine virali che mostrano poca variabilità mutazionale.

Alle mutazioni segnalate nei primi mesi della pandemia, come **D614G** (Spike), **P323L** (NSP12), e **R203K / G204R** (Nucleocapsid), si stanno aggiungendo mutazioni più recenti, come **A222V** e **L18F** (Spike) e **A220V** (Nucleocapsid).

Le analisi temporali e geografiche complete dei sequenziamenti identificano due periodi distinti con diversi tassi di mutazione del proteoma: *da dicembre 2019 a luglio 2020* e *da agosto a dicembre 2020*. In particolare, alcuni tassi di mutazione differiscono in base alla geografia, principalmente quelli della seconda metà del 2020 in Europa.

Mentre il virus continua a diffondersi rapidamente in tutto il mondo e si continuano a registrare sempre nuove mutazioni l'Italia è praticamente assente dalla piattaforma **GISAID**, per il "semplice motivo" che un programma capillare di sequenziamento non è mai stato fatto.

La piattaforma **GISAID** al momento contiene **458.510** sequenze totali: sono soltanto **3017** quelle depositate da ricercatori italiani dai primi turisti di Hubei di fine gennaio 2020 fino all'ultimo caso del 18 gennaio scorso. Di queste, **2707** sono abbastanza complete, le rimanenti sono sequenze parziali.

Sarebbe da irresponsabili nella fase attuale della pandemia (non esiste più il coronavirus ma i coronavirus) se non non predisponessimo una rete nazionale di tracciamento attraverso il sequenziamento

Sequenziare il genoma di un virus costa più o meno come una tac (100-200 euro) a una pari di una qualsiasi altra prestazione ambulatoriale come ad esempio una TAC. Alla luce del *recovery fund* non mancano le risorse per organizzare una cooperazione tra la ricerca genomica e il Servizio sanitario nazionale. E' indispensabile creare una filiera integrata per sequenziare più genomi per non trovarci impreparati la prossima volta.

Idealmente proporrei formare una *task force* da affidare a **Vincenza Colonna** splendida ricercatrice del CNR di Napoli e al prof. Massimo Delle Donne dell'Università di Verona e ad una ventina di laboratori italiani di qualità per la realizzazione di un programma che non passi attraverso i soliti noti dell'Accademia, o i potentati ospedalieri, e che sia "cleptocrazia-free". Insomma formata da chi la ricerca la fa veramente e non la svende.

Ricordo che il sequenziamento consente di capire il funzionamento ed il comportamento di una variante e in particolare delle modalità che utilizza per infettare. Il confronto delle sequenze di varianti differenti, in relazione alla regione geografica da cui la variante proviene, permette di ricostruire la diffusione del contagio e come e perchè si sia originata l'infezione. Scusate se è poco...