

28.Gennaio

## Curiosità pericolose e risultati sorprendenti

*In milioni hanno visto la mela cadere,  
ma Newton è stato quello che si è chiesto perché.*  
Bernard Baruch

Non ci dovrebbe essere nulla in tutto l'universo in cui l'uomo non possa ficcare il naso. Questo è il modo in cui noi siamo fatti e presumo che ci sia qualche ragione per questo. Forse il motivo è perché siamo insofferenti alla *noia* una specie di malattia latente che l'omo sapiens si porta dentro. La cura per la *noia* è la *curiosità* e, fortunatamente, non ci sono cure per la *curiosità*.

Il "fatto sorprendente" che è bastato un solo virus per paralizzare l'economia mondiale e uccidere milioni di persone, ha sollecitato la *curiosità* di alcuni virologi che si sono chiesti *quanti e quali virus* potrebbero essere letali o avere il potenziale per innescare una prossima pandemia.

La risposta è apparsa il 26 gennaio su *Nature* nel lavoro *Petabase-scale sequence alignment catalyses viral discovery* che ci dice che **esistono trilioni di virus sconosciuti** che potrebbero essere letali o avere il potenziale per innescare una prossima ipotetica pandemia.

Questo non è esattamente quello che si aspettavano di trovare il *biologo computazionale Artem Babaian* e l'*esperto di super calcolo Jeff Taylor* quando, all'inizio del 2020, "setacciando" una quantità senza precedenti di dati genomici esistenti, hanno scoperto più di **100.000** nuovi virus, inclusi nove coronavirus e più di **300** correlati al virus dell'epatite Delta, responsabili di causare insufficienza epatica.

**Babaian & Taylor**, grazie ad una serie di strumenti informatici da loro messi a punto e validati e con l'aiuto di *diversi bioinformatici*, alcuni dei quali sono diventati dei collaboratori "devoti", hanno ottimizzato il loro software per rendere l'analisi molto più veloce con un approccio che consente elaborare *1 milione di set di dati al giorno*, (a un costo di elaborazione inferiore a 1 centesimo per set di dati). Ben presto hanno ampliato la loro caccia al virus oltre i coronavirus e hanno esaminato tutti i dati disponibili nel cloud.

In particolare hanno indirizzato la loro ricerca cercando corrispondenze con il gene per la *RNA polimerasi RNA-dipendente*, che è la chiave per la replicazione di tutti i *virus a RNA*. Tali virus includono non solo i coronavirus, ma anche quelli che causano influenza, poliomielite, morbillo ed epatite.

Il lavoro pubblicato su *Nature* riporta i genomi parziali di quasi **132.000** virus a *RNA*. Anche se il nuovo database del gruppo non riporta la sequenza completa di ogni nuovo virus, in molti casi c'è solo il gene per l'enzima centrale, tuttavia è possibile a partire da queste sequenze parziali costruire *alberi genealogici* che rivelano come i diversi virus siano correlati e come si evolvono, ad esempio, in varianti sempre nuove.

Inoltre attraverso il *data base* è possibile localizzare dove è stato trovato un particolare virus e qual è il suo *host*. E questo potrebbe aiutare i ricercatori a capire meglio come si originano i patogeni umani, o come migliorare i *test diagnostici* per le infezioni virali.

Infine, quando un nuovo virus viene isolato da un paziente malato, i ricercatori possono dire più facilmente se è già stato trovato altrove utilizzando così questo database come una gigantesca *rete di sorveglianza* dei virus.

Il *team di Babaian*, affinché altri possano trarre vantaggio dal lavoro, ha creato **Serratus Explorer** un *repository* pubblico che esplora il *viroma* attraverso il sequenziamento grezzo di milioni di campioni raccolti dalla comunità biologica mondiale. Questi dati coprono gli ultimi 13 anni da ogni continente, oceano e regno della vita. (assolutamente da visitare !)

Il **lavoro** oltre a informarci sul numero di virus noti che utilizzano l'*RNA* invece del DNA dimostra la "scandalosa" mancanza di conoscenza di questo gruppo di organismi ed è in perfetta sintonia con il **The Global Virome Project** finalizzato ad una indagine globale dei virus attraverso la **Genomica del petabyte** che consente l'analisi di quantità precedentemente insondabili di dati di DNA e *RNA*. (Un petabyte è 10<sup>15</sup> byte.)

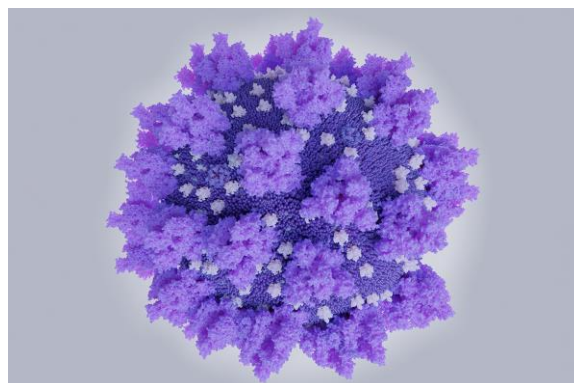
Siamo agli albori di una nuova era della *biologia computazionale*, che consentirà la scoperta di geni espansivi, la sorveglianza dei patogeni e le analisi evolutive pangenomiche.

La "*rivoluzione metagenomica*" della scoperta dei virus sta accelerando. Campi innovativi come la *viromica ad alto rendimento* possono, attraverso vaste raccolte di sequenze di virus, informare le politiche che *prevedono e mitigano* le pandemie emergenti.

La combinazione dell'*ecoinformatica* con i *metadati* di virus, *host* e *geotemporal* costituisce il presupposto per una *rete globale di sorveglianza* dei patogeni, che nasce come sottoprodotto della condivisione di dati centralizzata e aperta.

La crescita della popolazione umana e l'invasione degli habitat animali stanno avvicinando più specie, portando a un aumento del tasso di zoonosi e accelerando l'estinzione di massa dell'Antropocene.

Mentre **Serratus** migliora la nostra capacità di raccontare l'intera diversità genetica del nostro pianeta, la diversità genetica della biosfera sta progressivamente diminuendo. Pertanto, l'investimento nella raccolta e nella cura di campioni biologicamente diversi, in particolare nelle regioni geograficamente sottorappresentate, non è mai stato così urgente, se non per la conservazione delle specie in via di estinzione, per meglio conservare la nostra.



Un'analisi computerizzata basata su cloud ha scoperto nove nuovi tipi di coronavirus simili a questo virus SARS-CoV-2  
by JUAN GAERTNER

## Un anno fa... Badeker/Replay del 28 Gennaio 2021

### Infodemia pandemica

La diffusione di notizie false, caratteristica della prima fase della pandemia, grazie ai 50 milioni di visualizzazioni giornaliere ed alla loro inevitabile tracimazione nella rete, ha contribuito in maniera significativa allo sviluppo della pandemia amplificando l'azione del Sars-cov-2 e il terrificante numero di decessi: Covid-19 ringrazia... Questa disinformazione globale si sta progressivamente riproponendo ed espandendo nella campagna vaccinale che stiamo vivendo. (Mian A 2020) Mai prima d'ora il pubblico è stato così bombardato dalle informazioni, né è mai stato così difficile sapere a cosa e a chi credere.

L'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) ha definito questa situazione "infodemia pandemica" della malattia da coronavirus 2019 (COVID-19) (<https://www.who.int/teams/risk-communication/infodemic-management>)

L'infodemia si riferisce a una diffusione rapida e di vasta portata di informazioni accurate e imprecise. La disinformazione (informazioni false ma non create con l'intenzione di causare danni) e la disinformazione (o "notizie false"; informazioni false e create deliberatamente per causare danni) viaggiano più velocemente e più lontano della verità. Vedi Dalla politica alla politicizzazione:

#### [W.4 Dalla pandemia alla infodemia](#)

La infodemia pandemica ha contribuito all'affermarsi di quelle che Steve Tesich nel 1992 definiva post verità dove l'informazione dei media e dei politici è incorniciata da appelli all'emozione, con ripetute affermazioni di mezze verità e menzogne. La post-verità ha favorito nella prima pandemia e adesso nella seconda lo sviluppo di un complottismo che si manifesta attraverso una forma particolare di performance maschile aggressiva di affidabilità, di chi, avendo uno status legittimato dovrebbe dire la verità ed evitare di andare in contrasto con le verità scientifiche e istituzionali. La politicizzazione della scienza per scopi personali, con lo spaccio di notizie false composto dalla selezione deliberata di fatti che i politici desiderano perseguire e dei dati che sono disposti a promuovere o denigrare è una fonte pericolosa di notizie false. Nei prossimi giorni discuteremo di Post-verità, complottismo, politicizzazione nel pieno rispetto del principio d'asymétrie di Brandolini.

(Vedi testo completo)