
Coronavirus Covid-19: Spallanzani, “incrementare sequenziamento virus per monitorare diffusione varianti”

Occorre incentivare il sequenziamento del Sars-Cov-2 “come strumento di salute pubblica”, per monitorare la diffusione delle sue varianti. Lo afferma la direzione scientifica dell’Inmi “Lazzaro Spallanzani” in un articolo di approfondimento sulle mutazioni del genoma virale del Sars-Cov-2, pubblicato sul sito di divulgazione scientifica www.scienzainrete.it. Alla luce delle varianti inglese, brasiliana e sudafricana, secondo gli esperti, “dobbiamo ragionevolmente attenderci un aumento della frequenza di varianti con queste caratteristiche. Tutti i virus, in maggiore o minore misura, hanno la capacità, detta viral escape, di mutare, eludendo in questo modo il sistema immunitario umano, continuando a riprodursi all’interno delle cellule e rendendo assai più complicato lo sviluppo di farmaci antivirali e di vaccini”. In questo scenario, per cercare di capire quali sono le traiettorie evolutive del virus “è necessario però effettuare il maggior numero possibile di sequenziamenti del genoma degli isolati virali. Attraverso questa attività è stato possibile, all’inizio dell’epidemia, identificare e ‘caratterizzare’ rapidamente il virus, sviluppare e validare test diagnostici e avviare la ricerca sui vaccini”. Ma oggi, avvertono gli esperti, “questa attività è ancora più importante”, tant’è vero che l’Oms ha recentemente pubblicato una guida all’utilizzo del “sequenziamento come strumento di salute pubblica”. L’incremento dei sequenziamenti “è l’unico sistema che permetta di monitorare la diffusione di varianti virali in grado di ‘evadere’ dai sistemi di difesa e cercare di comprendere l’evoluzione del virus: non è un caso se l’allarme sulla nuova variante sia giunto dalla Gran Bretagna, che sin da marzo 2020 ha deciso di investire in maniera massiccia sul sequenziamento del virus”.

Giovanna Pasqualin Traversa