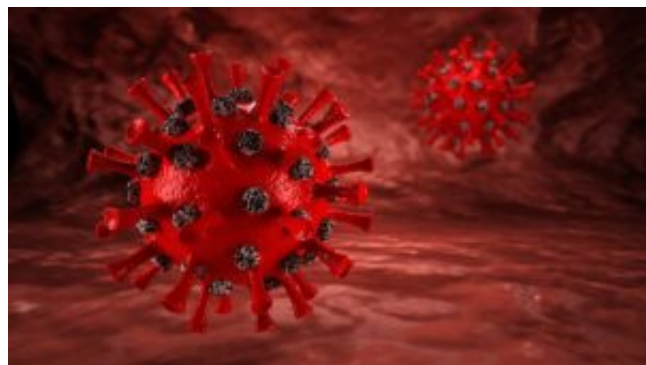




*Uno studio recentemente pubblicato su Nature Communications Biology, condotto dal Cnr-Ibiom insieme all'Università di Bari e all'Università Statale di Milano, con il supporto della piattaforma bioinformatica e genomica di Elixir Italia, ha sviluppato una metodologia che consente di classificare tempestivamente le nuove varianti del virus di SARS-CoV-2 determinando anche un indice di patogenicità tale da permettere una risposta sanitaria immediata e personalizzata. Il sistema può essere utilizzato per eventuali nuove pandemie*



Roma, 27 aprile 2023 - Un team dell'Istituto di biomembrane, bioenergetica e biotecnologie molecolari del Consiglio nazionale delle ricerche di Bari (Cnr-Ibiom), dell'Università degli Studi di Bari "Aldo Moro", dell'Università Statale di Milano, con il supporto della piattaforma di genomica e bioinformatica messa a disposizione dal nodo italiano dell'Infrastruttura di ricerca europea Elixir per le scienze della vita, ha messo a punto un sistema computazionale per l'identificazione delle varianti virali più pericolose per la salute pubblica mediante una analisi comparativa di oltre 11 milioni di genomi virali campionati nel corso della pandemia.

Lo studio, pubblicato su [Nature Communications Biology](#), ha preso in esame il virus della sindrome respiratoria acuta grave coronavirus di tipo 2 (SARS-CoV-2), che dall'inizio della pandemia ha subito una costante evoluzione, assumendo le forme di numerosissime "varianti" classificate in funzione della loro rilevanza epidemica e sanitaria come VOC (variant of concern), VOI (variant of interest) e VUM (variant under monitoring) a seconda del grado di infettività, della capacità di eludere la risposta

immunitaria, e della severità della malattia causata.

“Per fronteggiare una crisi pandemica e minimizzarne l’impatto sociale e sanitario è cruciale la capacità di riconoscere immediatamente le varianti più pericolose (VOC): l’analisi retrospettiva presentata in questo studio dimostra come il tempo intercorso tra la prima osservazione delle varianti critiche (es. alfa, delta, omicron), pari anche a oltre due mesi, si sia rilevato troppo lungo per mettere in atto pratiche di contenimento adeguate”, spiega Graziano Pesole del Cnr-Ibiom e dell’Università di Bari.

“Attraverso questo nuovo studio è stato possibile, mediante un’analisi comparativa di un gran numero di caratteristiche derivate dall’analisi dei genomi virali, elaborare un indice di “pericolosità” che può essere calcolato in pochi secondi non appena la nuova variante viene osservata”, prosegue Pesole.

Tale metodologia innovativa permette, così, di caratterizzare nuove varianti non appena queste cominciano a moltiplicarsi nella popolazione, valutando il potenziale impatto patogenico ed epidemiologico di eventuali nuove pandemie con tempestività, e migliorando anche l’efficienza della risposta sanitaria.

“Lo studio dimostra l’importanza della sorveglianza genomica per campionare in modo omogeneo i genomi virali in diversi intervalli di tempo e a intervalli di tempo regolari”, conclude Pesole.