

# Campania, in un anno scoperte 58 varianti e 2.000 sequenze: i numeri del Covid

Di Redazione

Napoli – Ad un anno dall’avvio del progetto Gencovid, gli enti coinvolti tracciano un bilancio delle attività e dei risultati raggiunti nel monitoraggio, diagnosi e ricerca sul Sars-Cov-2. Oltre 900.000 tamponi somministrati, 300.000 analisi molecolari, 2.000 sequenze individuate: sono alcuni dei numeri del modello di ricerca sul Sars-Cov-2, nato a marzo 2020 in Campania, che si muove nel segno della cooperazione tra Regione. Quest’ultima ha finanziato il progetto, enti territoriali e Istituti di ricerca scientifica e coinvolge 7 centri internazionali di ricerca che, da un anno, lavorano con l’obiettivo di individuare strategie sanitarie di contenimento della pandemia e nuovi studi sull’evoluzione epidemiologica del Sars-Cov-2. Alla base del modello, che ha riunito Istituto zooprofilattico sperimentale del Mezzogiorno, istituto Telethon di genetica e medicina (Tigem), centro di Ingegneria Genetica e Biotecnologie Avanzate (Ceinge), laboratorio di virologia dell’Azienda ospedaliera universitaria e dipartimento di Scienze Mediche Traslazionali della Federico II, Istituto nazionale tumori Irccs Pascale, Azienda ospedaliera dei Colli e Università degli studi della Campania Luigi Vanvitelli, ci sono le attività di tracciamento, studio e sequenziamento.

“Sin dai primi mesi dell’emergenza sanitaria, l’Istituto zooprofilattico sperimentale ha effettuato screening di massa nei territori focolaio dell’epidemia da Covid19 e, congiuntamente al Tigem e all’Azienda ospedaliera dei Colli, nell’ambito dell’attività di sequenziamento di varianti Sars-CoV-2, ha trasmesso i risultati diagnostici su Gisaïd, la piattaforma online per diffondere in tempo reale le informazioni sulle sequenze acquisite e trasferirle simultaneamente alla comunità scientifica mondiale”, dichiara Antonio Limone, direttore generale dell’Izsm.

“Fino ad oggi, presso – spiega Andrea Ballabio direttore del centro di sequenziamento genomico del Tigem – sono stati sequenziati i genomi virali Sars-CoV-2 di circa 6000 tamponi. Questo rappresenta il numero più alto di genomi virali sequenziati da un singolo istituto italiano (più del 30% dei genomi Sars-CoV-2 sequenziati in Italia). Ciò ha portato all’identificazione di 58 varianti, alcune delle quali con caratteristiche di particolare patogenicità, presenti in regione Campania. Questo successo è stato possibile grazie all’efficiente collaborazione tra il Tigem, l’Izsm e l’Ospedale Cotugno ed al supporto della Regione Campania che ha creduto fin dall’inizio nel nostro progetto”.

In questo scenario si inseriscono anche gli studi effettuati, in laboratori di classe 3, dai ricercatori del Ceinge, in collaborazione con gli esperti dell’Izsm, che ha caratterizzato la funzione di nuove molecole anti-virali sulle varianti identificate dal Ceinge. “Un lavoro che ha portato a 21 lavori scientifici pubblicati, all’individuazione di 4 nuove metodologie diagnostiche, al sequenziamento di oltre 12

genomi e al deposito di 7 brevetti per applicazioni cliniche”, evidenzia Pietro Forestieri, presidente del Ceinge.

Inoltre, nell’ambito di studi di genetica umana e genomica funzionale legati alla identificazione dei fattori ereditari tra ospite-dipendente, il Ceinge ha condotto, insieme all’Izsm, un progetto su 1000 genomi di pazienti asintomatici per identificare varianti associate ai soggetti asintomatici. Attualmente, al vaglio dei ricercatori del dipartimento di Scienze mediche traslazionali e del laboratorio di Virologia dell’Azienda ospedaliera universitaria della Federico II, oltre l’indagine genetica e terapeutica del Sars-Cov-2 per l’individuazione di nuovi approcci per la prevenzione e la cura dell’infezione, c’è anche lo sviluppo clinico di nuovi test basati sulle nano particelle o sull’impiego di differenti matrici per le attività diagnostiche o terapeutiche, come la ricerca sui polifosfati per l’inibizione dell’infezione. In particolare, l’Istituto nazionale tumori Irccs Pascale di Napoli ha svolto attività di approfondimento diagnostico e di follow-up clinico su soggetti poli-patologici al fine di individuare farmaci attenuativi e trattamenti clinici efficaci. Ulteriore oggetto di studio è il progetto ‘Jumping’, condotto dall’Izsm in collaborazione con l’Istituto superiore di sanità, per prevenire il rischio di un ulteriore salto di specie del Covid-19. “Sebbene il rischio di trasmissione zoonotica inversa tra animali allevati e allevatori positivi al Sars-Cov-2 sia, ad oggi, basso – aggiunge Limone – i ricercatori dell’Izsm stanno procedendo nell’elaborazione di metodologie d’analisi ad hoc per il monitoraggio sierologico di specie diverse e la prevenzione di ulteriori situazioni emergenziali”.

[Campania, in un anno scoperte 58 varianti e 2.000 sequenze: i numeri del Covid \(anteprima24.it\)](https://www.anteprima24.it/campania-in-un-anno-scoperte-58-varianti-e-2.000-sequenze-i-numeri-del-covid)

