

Contributo scritto sul disegno di legge n. 1800, all'esame della Commissione igiene e sanità del Senato

Autore:

prof. Graziano Pesole, Professore Ordinario di Biologia Molecolare dell'Università di Bari "A. Moro", Ricercatore Associato dell'IBIOM-CNR di Bari, coordinatore del nodo Italiano dell'Infrastruttura di Ricerca ELIXIR per le Scienze della Vita

Premesso che concordo pienamente sull'importanza strategica di effettuare test sierologici su un campione casuale della popolazione con numerosità appropriata, per condurre le necessarie indagini statistiche, devo rimarcare che lo studio non può prescindere dall'approfondimento della conoscenza del ceppo virale responsabile dell'infezione, quando possibile.

Questo implica, come peraltro già previsto, che tutti i soggetti sieropositivi vengano anche sottoposti ad analisi mediante tampone rinofaringeo e, che in caso venga riscontrata "positività", il materiale genetico estratto dal tampone venga utilizzato per il sequenziamento completo del genoma virale. In questo modo sarebbe possibile realizzare uno studio fondamentale per acquisire informazioni sulla tipologia dei ceppi virali circolanti in Italia. Queste informazioni sarebbero di grande rilevanza scientifica e assolutamente necessarie per mappare la catena del contagio nel nostro Paese, e consentirebbero di valutare in maniera più precisa l'efficacia delle terapie farmacologiche e l'efficienza di eventuali vaccini.

In questo contesto potrebbe essere consigliabile programmare uno studio longitudinale, ripetendo nel tempo le analisi (es. a distanza di 2-3 mesi) sullo stesso campione di soggetti. In questo modo, si potrebbe valutare l'incremento di sieropositivi, la permanenza nel tempo della siero-positività e la possibilità di re-infezione di soggetti siero-positivi.

I dati dei genomi virali ottenuti dai soggetti positivi al tampone, e le relative meta-informazioni, fatti salvi i principi di tutela della privacy garantiti dalla legge, dovrebbero essere resi disponibili integralmente alla comunità scientifica nazionale ed internazionale.

Mi preme segnalare che in Italia, ad oggi, sono stati depositati 0.04 genomi per ogni 100 casi di positività. Dei 67 paesi che hanno più di 10mila casi, l'Italia è al 52esimo posto per proporzione di genomi sequenziati rispetto al numero di positivi.

A questo scopo il nodo nazionale dell'Infrastruttura di Ricerca Europea ELIXIR per i dati biologici e la Bioinformatica, coordinato dal CNR per conto del Ministero dell'Università e della Ricerca, potrebbe offrire, qualora richiesto, come accade in altri paesi Europei e senza oneri, il necessario supporto dell'infrastruttura informatica per lo storage e il retrieval dei dati genomici, nonché, ove necessario, anche il know-how richiesto per le analisi bioinformatiche.