

Università e Cnr, via alla ricerca sperimentale

Studio sulle mutazioni, l'arma del Policlinico nella battaglia al virus

Giusi Parisi

Alla ricerca di (eventuali) varianti nella genetica del Coronavirus nei pazienti della Sicilia occidentale. Già avviato dall'Università degli studi di Palermo in collaborazione con il Cnr, il progetto di ricerca sperimentale è finalizzato ad ottenere le sequenze del filamento di Rna del Coronavirus per evidenziare le eventuali alterazioni nel codice genetico. Lo studio, oltre al laboratorio di Immunologia dei tumori dell'Università, coordinato dal professore Claudio Tripodo, coinvolge l'Unità operativa complessa di epidemiologia clinica del policlinico «Paolo Giaccone» coordinata dal professor Francesco Vitale e l'unità dell'Istituto di calcolo e reti ad alte prestazioni del Cnr-Icar di Palermo, diretta da Alfonso Maurizio Urso. Le informazioni derivanti dai risultati della ricerca, potrebbero essere utili per definire le caratteristiche del virus presente nel territorio occidentale della Sicilia, area a cui afferiscono i pazienti oggetti di studio, e potrebbe aiutare a comprendere meglio l'iter della diffusione del contagio. «Qualora si identificassero nuove mutazioni - spiega Tripodo - queste potrebbero essere utilizzate dal team di epidemiologi coordinati dal professor Vitale per comprendere la distribuzione di forme mutate del virus sul territorio ed identificare eventuali focolai caratterizzati da specifiche mutazioni del virus». La parola «mutazioni», però, non deve generare alcun allarme né preoccupare in alcun modo la popolazione. La loro eventuale presenza servirebbe soltanto come strumento per meglio mappare la diffusione del virus: perché, a focolai differenti del territorio, potrebbe corrispondere una diversa genetica del Coronavirus Sars-Cov-2. «È attesa una genetica in comune - continua Tripodo - ma il nostro lavoro, in questo momento, è quello di esplorare l'esistenza di varianti. Per la tipologia di analisi, essenziale il ruolo

del team degli informatici del Cnr, coordinati da Alfonso Maurizio Urso che studiano quale approccio intraprendere nell'analisi dei dati che saranno generati, intervenendo con calcoli e statistiche, a riconoscere gli errori sistematici che ricorrono nei dati».

Oltre a Tripodo, che alcuni mesi fa ha ricevuto dal presidente Sergio Mattarella, il premio «Beppe Della Porta» indetto dall'Airc, l'Associazione italiana per la ricerca del cancro, il disegno sperimentale vede impegnati in prima persona Alessandra Casuccio, Fabio Tramuto, Carmelo Maida, Davide Vacca e Antonino Fiannaca e prevede l'impiego di strumenti per il sequenziamento genico di nuova generazione, capaci di «leggere» le informazioni scritte nell'Rna del virus senza il ricorso a manipolazioni del campione che potrebbero introdurre errori. L'approccio sperimentale del team multidisciplinare consente di avere una visione del virus, oggetto d'indagine, nella sua forma nativa, non alterata da metodiche di arricchimento del campione. «Lo studio è una tra tante iniziative scaturite dall'Università di Palermo - conclude Tripodo -, è ancora nelle fasi iniziali in cui vengono messi a punto protocolli e delineati gli approcci all'analisi dei dati. Naturalmente ogni informazione ottenuta dal sequenziamento del materiale genetico e dalle analisi informatiche, sarà globalmente condivisa con la comunità scientifica per le opportune verifiche e validazioni». La speranza è che le informazioni ottenute siano un ulteriore tassello nel mosaico della conoscenza di questa pandemia. (*GIUP*)

© RIPRODUZIONE RISERVATA



Università. Claudio Tripodo

Varianti genetiche Tripodo: «Così potremo comprendere meglio la distribuzione e identificare i focolai»

