Ufficio Stampa della Provincia autonoma di Trento
Piazza Dante 15, 38122 Trento
Tel. 0461 494614 - Fax 0461 494615
uff.stampa@provincia.tn.it

COMUNICATO n. 804 del 17/04/2020

FEM e APSS hanno ottenuto dalla Fondazione per la Valorizzazione della Ricerca Trentina il finanziamento per sequenziare il genoma del virus SARS-CoV-2

SARS-CoV-2, parte il sequenziamento del genoma per ricostruire la rete dei contagi

La Fondazione Edmund Mach e l'Azienda provinciale per i servizi sanitari di Trento hanno ottenuto dalla Fondazione per la Valorizzazione della Ricerca Trentina il finanziamento di un progetto di ricerca che sfrutta il sequenziamento del genoma completo di SARS-CoV-2 per ricostruire la rete dei contagi a livello provinciale, potenziando ulteriormente le strategie di mitigazione e controllo dei focolai epidemici.

La Fondazione Edmund Mach sta collaborando con l'Azienda provinciale per i servizi sanitari di Trento per permettere un aumento significativo delle analisi sui tamponi effettuati sulla popolazione. Partendo da questa attività di supporto al sistema sanitario, i ricercatori del Centro Ricerca e Innovazione puntano ora anche a identificare le varianti genetiche del virus presente in provincia. L'obiettivo è quello di sfruttare la variabilità genetica del virus per mappare le reti dei contagi tra pazienti e visualizzare la diffusione del patogeno tra aree geografiche mediante una piattaforma web di analisi e gestione dei dati creata all'interno del progetto. Le sequenze genetiche e il sistema di gestione dei dati prodotti, grazie al finanziamento di 62 mila euro concesso dalla Fondazione per la valorizzazione della ricerca trentina, saranno resi disponibili per il loro utilizzo alla Task Force provinciale nonché alla comunità scientifica internazionale.

Una piattaforma di sorveglianza epidemiologica molecolare provinciale
In una prospettiva più ampia, l'obiettivo è quello di sviluppare una piattaforma di analisi e gestione dei dati genomici di hCoV-19 che possa costituire la base per lo sviluppo di un'attività di sorveglianza epidemiologica molecolare. Le sequenze genomiche dei nuovi campioni potranno essere confrontate con le sequenze già osservate, identificando e visualizzando su mappa i nuovi focolai di infezione e le loro linee di diffusione. Ricostruendo su base molecolare le reti di infezione, sarà possibile identificare tempestivamente i comportamenti a rischio oppure eventuali falle nelle strategie di contenimento. La base dati prodotta potrà essere incrociata con dati di mobilità personale (ad esempio mediante il tracciamento dei telefoni cellulari) per identificare e circoscrivere le aree di contagio.

Le ricadute
Il progetto avrà ricadute sul territorio provinciale sotto vari aspetti. I dati genomici ottenuti a livello provinciale saranno integrati con quelli disponibili pubblicamente al fine di: descrivere la diffusione del virus e fornire una base dati per la gestione della seconda fase dell'epidemia, quando andranno identificate azioni di contenimento adeguate; monitorare l'evoluzione e le progressive mutazioni del virus che potenzialmente possano avere effetto anche sulla contagiosità; ottenere maggiori informazioni che possono essere utilizzate per sviluppare vaccini o strategie di gestione dell'infezione specifiche; fornire dati per capire come il potere patogeno del virus possa essere cambiato in seguito alle mutazioni acquisite.

Il team
Il team, coordinato da Annapaola Rizzoli e Claudio Donati e composto da Luca Bianco, Mirko Moser, Paolo Fontana, Diego Micheletti, Pietro Franceschi e Massimo Pindo del Centro Ricerca e Innovazione della Fondazione Edmund Mach, comprende ricercatori con una vasta esperienza nel campo della genomica, dell'epidemiologia molecolare, dell'analisi bioinformatica delle sequenze e nell'analisi statistica di dati complessi. L'attività di ricerca sarà svolta in stretto coordinamento con Paolo Lanzafame, Lucia Collini,

Giovanni Lorenzin del Laboratorio di microbiologia e virologia dell'Azienda provinciale per i servizi sanitari di Trento.
(sc e rc)

(sc)