

BIO-SCIENZA Elena Cattaneo



Del nuovo Coronavirus dobbiamo conoscere vita, morte e miracoli

Per sbarrargli la strada e consegnarlo alla Storia. Il sequenziamento del genoma di Sars-Cov-2 è la chiave per aprire un vero e proprio forziere di informazioni

“PRECIPITEVOLISSIMEVOLMENTE” È, CON le sue 26 lettere, la parola più lunga della lingua italiana. Provate ora a immaginare una parola che di lettere ne ha 30mila. Una parola tanto lunga quanto preziosa, perché può svelare caratteristiche e segreti del minuscolo nemico che il mondo, in lotta contro il tempo, sta cercando di rendere inoffensivo. Quella parola è il genoma di Sars-Cov-2, il nuovo Coronavirus. La prima “traduzione” del genoma risale al 10 gennaio scorso, quando un gruppo di ricercatori cinesi lo ha reso pubblico mettendolo a disposizione della comunità scientifica mondiale. Da quel giorno i laboratori di ogni angolo del pianeta hanno potuto guardare in faccia il nemico e iniziare a disegnare strategie per combatterlo su vari fronti: farmacologico, virologico e di tracciamento.

Come il genoma umano, anche quello di un virus è frutto della combinazione delle quattro basi del Dna: adenina, citosina, guanina e timina, rappresentate dalle lettere A, C, G, T, che combinandosi definiscono i vari pezzi proteici del virus, compresi quelli che caratterizzano la sua patogenicità. Leggendo i genomi del virus Sars-Cov-2 nelle varie zone del mondo si è scoperto che, pur essendo sempre lo stesso,

presenta qualche lettera diversa. Ed è studiando queste varianti che possiamo approfondire la nostra conoscenza della natura e dei comportamenti del virus. Per sconfiggere il nemico prima dobbiamo conoscerlo.

Il mese scorso, la Commissione sanità del Senato ha chiamato in audizione molti esperti in tema di strategie anti e post Covid-19, per poi elaborare interventi per ripartire in sicurezza. Fra i molti interessanti contributi, quello portato da Vincenza Colonna, genetista ricercatrice del CNR di Napoli, era centrato proprio sulle opportunità offerte dalla lettura di quelle 30mila lettere, ovvero dal sequenziamento del genoma di Sars-Cov-2. A oggi - ha spiegato Colonna - sulla banca dati ad accesso ristretto *Gisaid* sono disponibili 16mila diverse sequenze; 69 sono state rintracciate in Italia, ma solo 7 sono depositate nella banca dati ad accesso libero *Genbank*. Conoscere le sequenze è la chiave per aprire un vero e proprio “forziere di informazioni” in cui è racchiusa la storia del virus, riuscendo, per esempio, a ricostruire lungo quali traiettorie si è diffuso, a comprenderne la permanenza in un luogo nel tempo, a monitorare se le varianti lo rendono più o meno aggressivo e come si svilup-

pano e si distribuiscono i focolai d’infezione su scala mondiale. Queste informazioni aiuterebbero le istituzioni a valutare l’efficacia delle misure di contenimento e a sviluppare test di rilevamento *ad hoc* per le varianti genomiche più frequenti in specifiche latitudini.

Se durante le settimane di lockdown la prima preoccupazione è stata ridurre contatti e movimenti per abbassare l’indice di contagio, in modo da poter gestire l’emergenza negli ospedali scongiurando il collasso del sistema sanitario, adesso le priorità sono cambiate. Per far ripartire in sicurezza le nostre vite, dall’economia agli affetti, è necessario costruire, anche grazie agli strumenti offerti dalla ricerca scientifica, strategie efficaci di contrasto della pandemia. Come si dice delle biografie dei Santi, del virus dobbiamo conoscere vita, morte e miracoli, dobbiamo sapere “da dove viene e dove va”. Ogni aspetto deve essere indagato, testato, condiviso. Solo così potremo capire dove concentrare le forze per sbarrargli la strada e consegnarlo alla Storia.

Elena Cattaneo nata a Milano, è ricercatrice e docente di Farmacologia all’Università degli Studi di Milano e, dal 2013, senatrice a vita.

ARTICOLO NON CEDIBILE AD ALTRI AD USO ESCLUSIVO DI SENATO