

Realizzazione di un sistema di monitoraggio genetico della pandemia di COVID19

Dott.ssa Vincenza Colonna
Genetista, Bioinformatica

Consiglio Nazionale delle Ricerche
Istituto di Genetica e Biofisica, Napoli
vincenza.colonna@igb.cnr.it

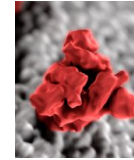
Audizione Strategie anti e post Covid-19
Commissione Sanità del Senato della Repubblica
05/05/2020

Il genoma del SARS-CoV-2

0 5000 10000 15000 20000 25000 30000 bp

CTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAACCTTTAAATCTGTGTGGCTGTCAC
CGGCTGCATGCTTAGTGCACTCACGCAGTATAATTAATAACTAATTACTGTCGTTGACAG
GACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTGTTGCAGCCG
ATCATCAGCACATCTAGGTTTCGTCCGGGTGTGACCGAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGT
CCCTGGTTTCAACGAGAAAACACACGTCCAACCTCAGTTTGCCTGTTTACAGGTTCGCGA
CGTGCTCGTACGTGGCTTTGGAGACTCCGTGGAGGAGGTCTTATCAGAGGCACGTCAACA
TCTTAAAGATGGCACTTGTGGCTTAGTAGAAGTTGAAAAGGCGTTTTGCCTCAACTTGA
ACAGCCCTATGTGTTTCATCAAACGTTCCGGATGCTCGAACTGCACCTCATGGTCATGTTAT
GGTTGAGCTGGTAGCAGAACTCGAAGGCATTACGTACGGTCGTAGTGGTGAGACACTGG

S

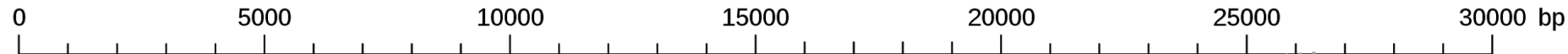


MT215194 USA - GTTCTTCTTGTTTTTAGTGCCACTAGTC
MT066156 ITA - GTTCTTCTTGTTTTTAGTGCCACTAGTC
MT077125 ITA - GTTCTTCTTGTTTTTATTGCCACTAGTC

Mutazioni

IMPRONTA GENETICA

Le mutazioni possono ridurre l'efficacia dei test



SEQUENZE USATE PER
IDENTIFICARE IL VIRUS
DAI TAMPONI

USA

TAILANDIA

CINA

HONG KONG

GIAPPONE

ITALIA

GATATCGGTAATTATACAGTTTCCTGTTCACCTTTTACAATTAATTGCCAGGAACCTAAATTGGGTAGTCTTGTAGTGCGTTGTTTCGT
TCTATGAAGACTTTTTAGAGTATCATGACGTTTCGTGTTGTTTGTAGATTTTCATCTAAACGAACAACTAAAATGTCTGATAATG**GACCC**
CAAAATCAGCGAAATGCACCCCGCATT**CGTTTGGTGGACCT****CAGATTCAACTGGCAGTAACCAG****AATGGAGAACGCAGTGGGG**CGC
GATCAAAACAACGTCGGCCCCAAGGTTTACCCAATAATACTGCGTCTTGGTTTACCCTCTCACTCAACATGGCAAGGAAGACCTTAA
ATTCCCTCGAGGACAAGGCGTTCCAATTAACACCAATAGCAGTCCAGATGACCAAATTGGCTACTACCGAAGAGCTACCAGACGAATT
CGTGGTGGTGACGGTAAATGAAAGATCTCAGTCCAAGATGGTATTTCTACTACCTAGGAAGTGGGCCAGAAGCTGGACTTCCCTATG
GTGCTAACAAAGACGGCATCATATGGGTGCAACTGA**GGGAGCTTTGAATACACCAAAA**GAT**CACATTGGCACCCGCAATC**CTGCTAA
CAATGCTGCAATCGTGTACAACTTCCTCAAGGAACAACATTGCCAAAAGGCTTCTACGCAGAAGGGAGCAGAGGCGGCAGT**CAAGCC**
TCTTCTCGTTCCCTCATCACGTAGTCGCAACAGTTCAAGAAATTCAACTCCAGGCAGCAGT**AGGGGA****CTTCTCCTGCTAGAAT**GGCTG
GCAATGGCGGTGATGCTGCTCTTGCTTGTCTGCTTGACAGATTGAAC**AGCTTGAGAGCAAAATGTCTG**GTAAGGCCAACAACA
ACAAGGCCAACTGTCTACTAAGAAATCTGCTGCTGAGGCTTCTAAGAAAGCCTCGGCCAAAACGTCTGCCACTAAAGCATACAATGTA
ACACAAGCTTTTGGCAGACGTGGTCCAGAACAAACCAAGGA**AATTTTGGGGACCAGGAAC****TAATCAGACAAGGAAGTGAATTA****CAAAAC**
ATTGGCCGCAAATTGCACAATTTGCCCCCAAGCGCTTCAGCG**TTCTTCGGAATGTGCGCG**ATTGG**CATGGAAGTCACACCTTCG**GGGAAC
GTG**GTTGACCTACACAGGTGC**ATCAAATTGGATGACAAAGATCCAAATTTCAAAGATCAAGTCATTTTGCTGAATAAGCATATTGAC
GCATACAAAACATTCCCAACACAGAGCCTAAAAAGGACAAAAAGAAGGCTGA

<https://www.centerforhealthsecurity.org/resources/COVID-19/COVID-19-fact-sheets/200410-RT-PCR.pdf>



AGGGGA

AAACGA



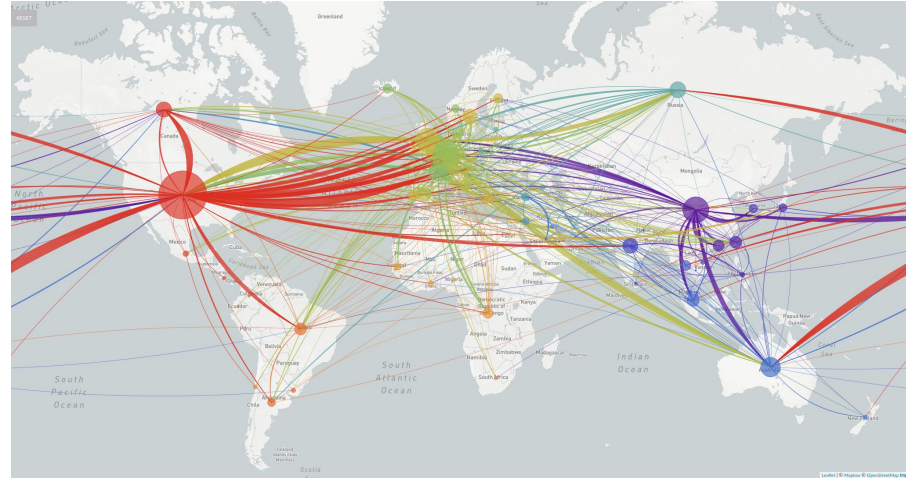
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.04.10.029454v1>

Le sequenze ci dicono come si è diffuso il virus

Dicembre 2019

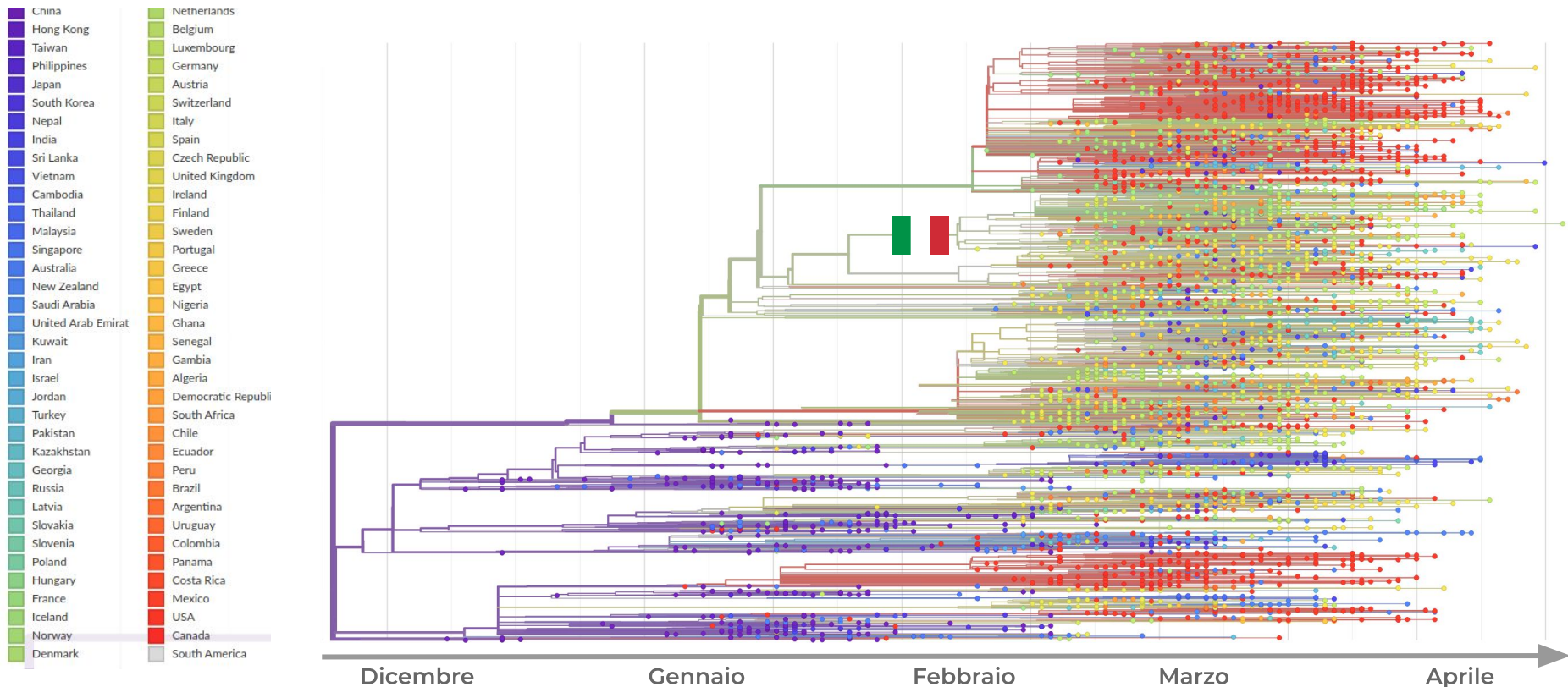


Maggio 2020

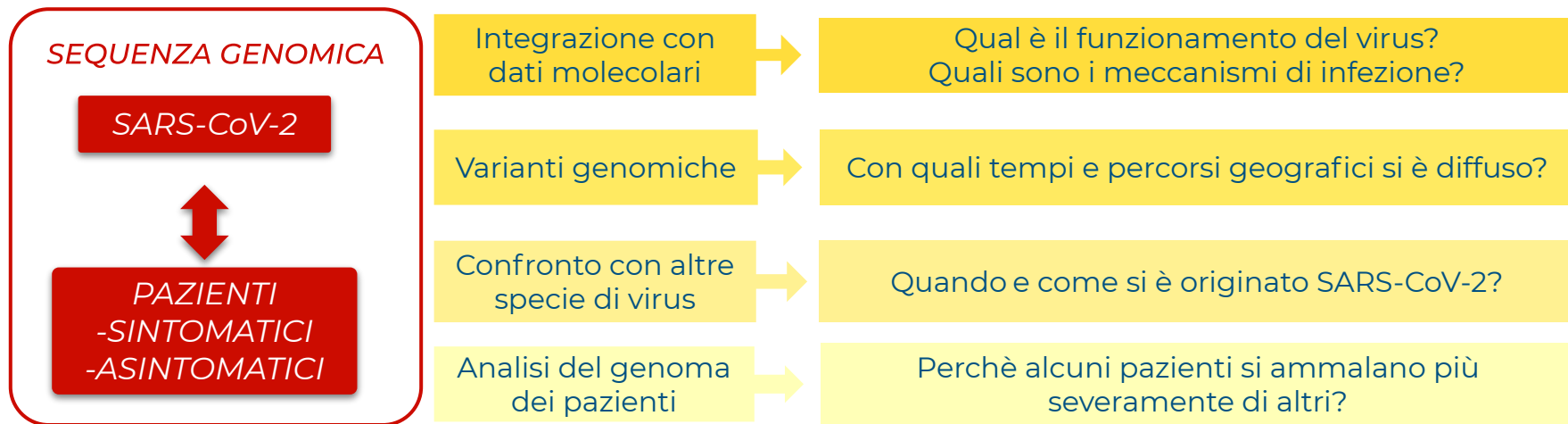


Ricostruzione da dati di sequenza virale

Affinità e divergenze tra virus



Conoscere la sequenza genomica permette la ricerca applicata sul virus



- MAPPATURA NEL TEMPO E NELLO SPAZIO DEL VIRUS
- MIGLIORAMENTO DELLA DIAGNOSTICA E DELLA CURA
- COMPRENSIONE DELLA SUSCETTIBILITÀ ALLA MALATTIA

Quante sequenze sono disponibili?

ITALIA

69

MONDO

16,047

GISAID

04/05/2020

ACCESSO RISTRETTO

ITALIA

7

MONDO

2,501

GenBank

04/05/2020

*PUBBLICAMENTE
ACCESSIBILI*

4 maggio 2020, ore 18.00

99.980

persone positive in Italia

<http://www.salute.gov.it>

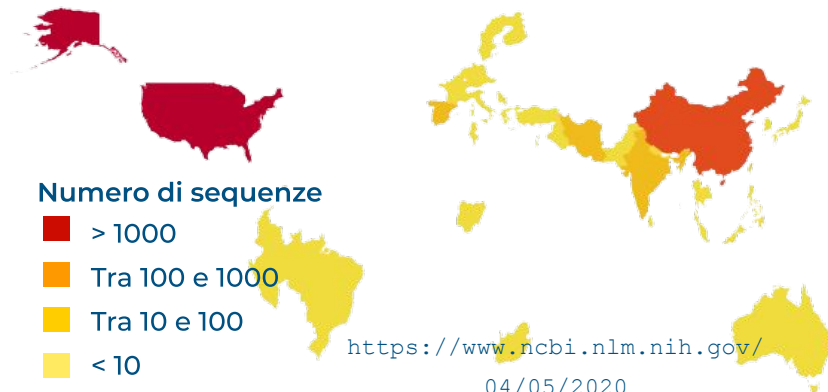
Numero di sequenze

■ > 1000

■ Tra 100 e 1000

■ Tra 10 e 100

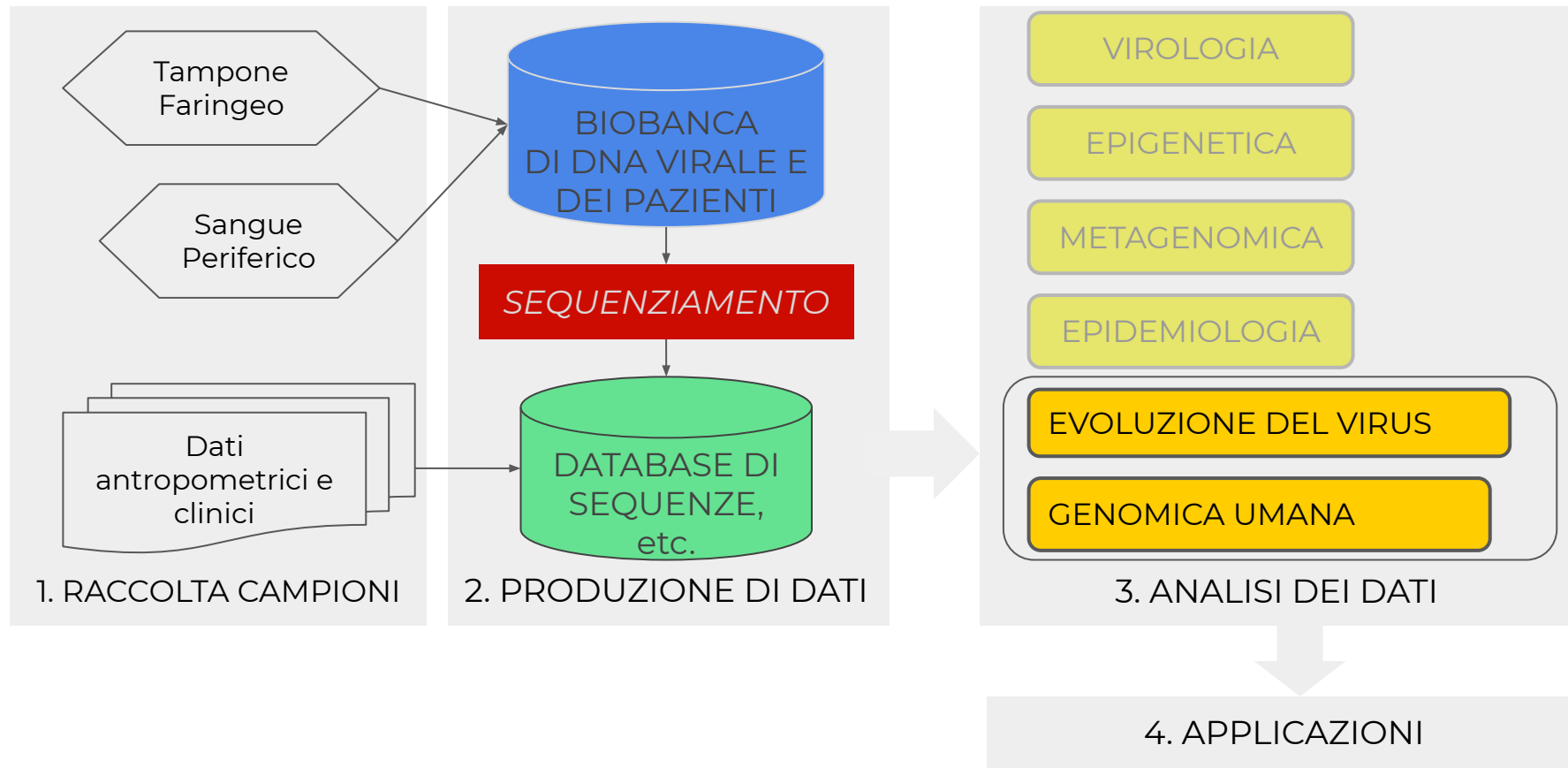
■ < 10



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

04/05/2020

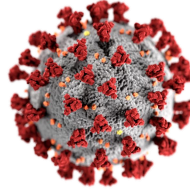
Contributo Italiano alle sequenze SARS-CoV-2



Impatto scientifico

SEQUENZIAMENTO

GENOMA VIRALE



Meccanismi di azione virale Mappatura dei ceppi virali Italia

GENOMA PAZIENTI



Predisposizione genetica
Variabilità nella risposta

METAGENOMA

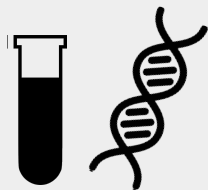
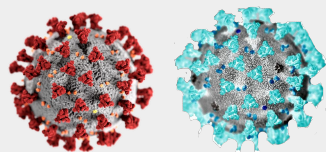


Ruolo dell'ambiente
Interazione tra microbioma e virus

Impatto sociale

ANALISI DATI

Gestione informata della pandemia



Cambiamenti nella aggressività del virus

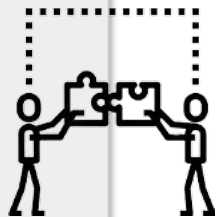
- Dinamiche dei focolai di infezione
- (re)-introduzione dall'estero
- Valutazione dell'efficacia delle strategie di contenimento

Miglioramento della diagnosi molecolare

Impatto sociale

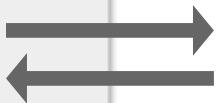
ANALISI DATI

Cooperazione internazionale



Contributo in consorzi
internazionali di studio

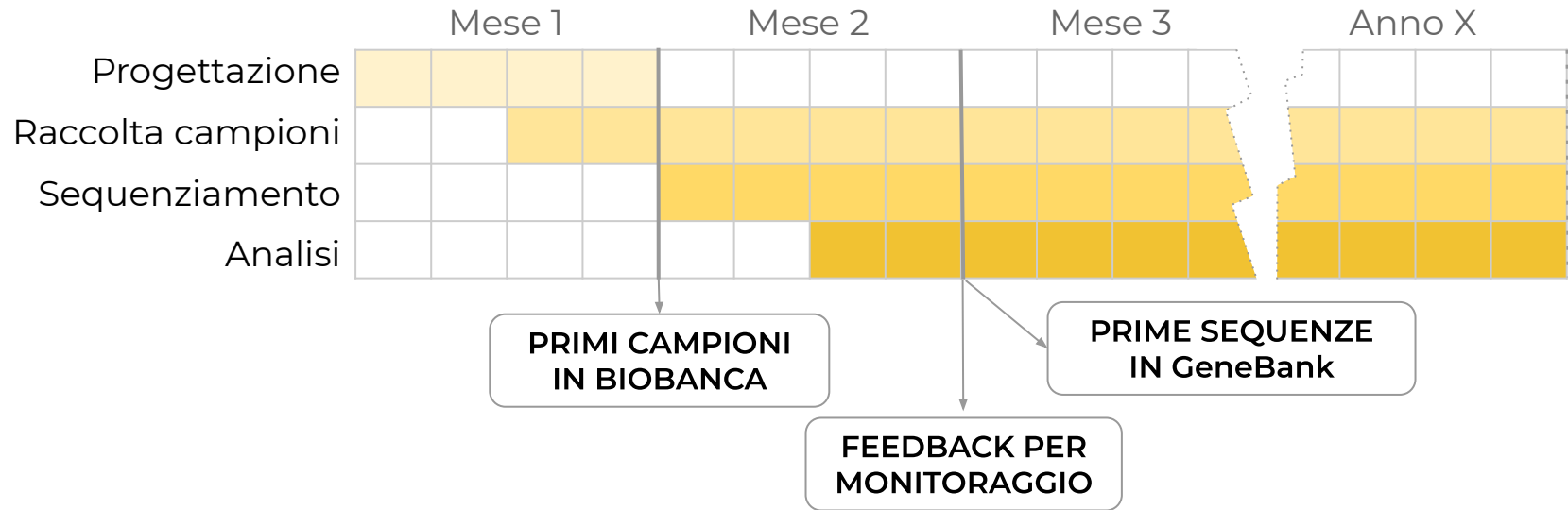
Collegamento tra dato genetico e geolocalizzazione



Progetto pilota in Basilicata per il sequenziamento del genoma virale



Risultati sul virus a partire da due mesi



- INTEGRAZIONE NEL SISTEMA SANITARIO
- INFORMAZIONE PREZIOSA A BASSO COSTO
- CONSERVAZIONE DELL'INFORMAZIONE

Come convivere con SARS-CoV-2 nei prossimi anni

- In Italia abbiamo competenze per un'azione immediata di mappatura di SARS-CoV-2 per il controllo della diffusione
- Il Progetto pilota in Basilicata può essere di esempio
- Cooperazione e coordinamento nazionale per la realizzazione del progetto e la sua integrazione nel sistema sanitario

FINE