

343 - 28

Coordinare e condividere la produzione di sequenze e dati genomici e trascrittomici per analisi bioinformatiche in tempi di emergenza

Il 1 Aprile 2020, sul principale collettore di sequenze SARS-CoV-2 (epicov.org - gisaid.org) erano disponibili 343 sequenze depositate dall'Islanda e 28 sequenze depositate dall'Italia.

L'emergenza COVID-19 in Italia si è manifestata in modo tragico. Durante questa emergenza molte strutture a sostegno di progetti di ricerca hanno dovuto riconvertirsi ad attività di cura, oppure hanno dovuto chiudere temporaneamente per mitigare la diffusione del virus.

Nel medio e lungo periodo è necessario avere a disposizione il maggior numero di sequenze possibile di SARS-CoV-2 (o, in un futuro, di un altro virus) per l'attività di ricercatori di Bioinformatica e Biologia Computazionale e, infine, dei virologi e degli epidemiologi, che utilizzano queste analisi per studiare vaccini e la propagazione delle infezioni. I numeri di cui sopra, sebbene giustificati dall'emergenza in cui ci si trova, rendono difficili analisi comparative approfondite a livello italiano.

Siamo fiduciosi che nel medio termine il numero di sequenze "italiane" reso disponibile sulle basi di dati pubbliche (e.g., epicov.org) aumenterà e così renderà possibile l'applicazione di analisi bioinformatiche standard per meglio comprendere la struttura e l'azione del virus. Riteniamo però che per il futuro sarà necessario prevedere dei protocolli di coordinamento - tra istituzioni di analisi e ricerca locali, regionali e nazionali - per rendere più sequenze disponibili in un tempo più ristretto, nel rispetto della struttura attuale decentrata e distribuita dei laboratori attrezzati per isolare e sequenziare virus molto infettivi.

Proponiamo quindi le seguenti iniziative.

- La convocazione di delegati di ogni "stakeholder" nella produzione di sequenze virali da parte dell'Istituto Superiore della Sanità a seguito di una registrazione regionale e nazionale aperta e gestita in modo proattivo.
- Il reperimento delle risorse necessarie per rafforzare con personale specializzato i laboratori.
- Come incentivo a collaborare, si propone la condizionalità alla partecipazione attiva ai protocolli condivisi come preconditione per ricevere finanziamenti competitivi di ricerca regionali e nazionali.

5 Aprile 2020

Firme

Marco Antoniotti

Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione
Università degli Studi di Milano-Bicocca

Paola Bonizzoni

Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione
Università degli Studi di Milano-Bicocca

Matteo Chiara

Dipartimento di Bioscienze
Università degli Studi di Milano

Alfredo Ferro

Dipartimento di Matematica ed Informatica
Università degli Studi di Catania

Rosalba Giugno

Dipartimento di Informatica
Università degli Studi di Verona

Alex Graudenzi

Istituto di Bioimmagini e Fisiologia Molecolare
Consiglio Nazionale delle Ricerche (IBFM-CNR)
Milano

David Stephen Horner

Dipartimento di Bioscienze
Università degli Studi di Milano

Giancarlo Mauri

Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione
Università degli Studi di Milano-Bicocca

Marco Pellegrini

IIT CNR, Pisa

Graziano Pesole
Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica
Università degli Studi di Bari
e
IBB CNR, Bari
e
Elixir-ITA

Rocco Piazza
Dip. di Medicina e Chirurgia
Università degli Studi di Milano-Bicocca

Nadia Pisanti
Dip. di Informatica
Università degli Studi di Pisa

Valeria Poli
Presidente SIBBM
Dipartimento di Biotecnologia Molecolare e Scienze della Salute
Università degli Studi di Torino

Alberto Policriti
Dipartimento di Scienze Matematiche, Informatiche e Fisiche
Università degli Studi di Udine
e
Istituto di Genomica Applicata
Udine

Alfredo Pulvirenti
Dipartimento di Medicina Clinica e Sperimentale
Università degli Studi di Catania

Giovanni Tonon
Direttore, Center for Translational Genomics and Bioinformatics,
IRCCS, Ospedale San Raffaele
Milano