Salute

Covid, Prof. Zollo (Federico II): "La stima di Omicron non è certa. Deltacron? Non sappiamo se fusione sia davvero avvenuta"

Di Redazione

Parla il docente di genetica all'Università degli Studi di Napoli: "Si può affermare che Omicron potrebbe non essere determinata dai test antigenici rapidi molecolari"

La stima di Omicron non è certa con approccio dei 'non sensibili a S', ovvero tecniche tipo l'amplificazione genica con rilevazione quantitativa. Fin quando non si sequenziano tutti i virus isolati da tamponi e si ha una definizione certa, non si può dichiarare che l'incidenza sia esattamente misurata, anche se lo studio dell'Istituto Superiore di Sanità è effettuato in un campione della popolazione analizzata". E' quanto spiega all'agenzia Dire il docente di genetica della Federico II di Napoli, il Prof. Massimo Zollo, che è anche principal investigator presso il Ceinge-biotecnologie avanzate e coordinatore della task force Covid-19 sempre del centro con sede nel capoluogo campano.

"Il virus muta anche in altre regioni geniche e non solo nella regione virale che codifica per S (spike). L'ipotesi di aumentare l'azione di sequenziamento (di oltre 5-10 volte quello previsto da ISS) è l'unica strada per avere un dato esatto dell'incidenza della nuova variante e la sua chiara valutazione come variante predominante, così pure per prevedere quale possa essere la nuova variante. La variante Omicron può essere identificata solo con la tecnica per eccellenza che ha il nome di sequenziamento genico attraverso tecnologie NGS e/o sequenziamento diretto dell'RNA messaggero con tecnologie Nanopore, la prima è la più utilizzata. Le altre tecniche come quella usata per i tamponi nasofaringei, attraverso l'amplificazione genica con rilevazione quantitativa, non identificano con certezza le varianti. I test antigenici rapidi molecolari sono stati disegnati sulle 'vecchie varianti'", spiega Zollo, il quale aggiunge che su queste varianti "hanno montato anticorpi che riconoscono la proteina N e la proteina spike. Mentre per N il carico mutazione di Omicron ha ricevuto un numero sostanziale di nuove mutazioni, per Spike le mutazioni sono molte di più rispetto alle vecchie varianti. Si può affermare che Omicron potrebbe non essere determinata dai test antigenici rapidi molecolari e questo avviene anche in base alla loro medio/bassa sensibilità alla carica virale".

Le possibili nuove varianti del virus

Il Prof. Zollo ha parlato anche di nuove varianti del virus: "In genere il virus identificato chimera va isolato in laboratorio e caratterizzato prima, comunque è possibile che l'assemblaggio dei dati di sequenza non siano corretti (questa indagine prevede degli esperti di virologia e di bioinformatica che analizzano i dati ottenuti dal sequenziatore del DNA) e che le singole letture non contengano in "CIS" le mutazioni osservate. Comunque ad oggi esistono in GISAID 25 sequenze di genomi virali classificati come variante Delta che descrivono nel gene S, 7 mutazioni caratteristiche del genoma di Omicron

(A67V, H69/V70, G142, V143, Y144, and Y145D). Se fosse davvero così, si tratta di una fusione virale avvenuta in uno stesso paziente infettato da entrambi le varianti Delta e Omicron. Non sappiamo se questa fusione sia davvero avvenuta o sia un artefatto delle analisi dei dati prodotti di sequenza. A questo stadio l'ipotesi di variante più contagiosa o meno è prematura e attendiamo di vedere i dati pubblicati su riviste scientifiche del campo per trarne delle conclusioni".

"La biologia del virus è di mutare ogni volta che entra nelle cellule umane, noi dobbiamo bloccare il suo grado di infezione e di replicazione in cellule. Per il primo esistono i vaccini e le loro dosi di richiamo per alzare la carica anticorpale (eventualmente nuovi vaccini attenuati o con disegno combinato con vaccini a RNA con 'ultime' varianti identificate) e farmaci che ne impediscono l'ingresso in cellula, come l'utilizzo degli unici 'anticorpi monoclonali' adatti per Omicron sviluppato dall'azienda Glaxo Smith Kline. Il secondo approccio come via parallela - conclude il coordinatore della task force Covid-19 del Ceinge di Napoli - è utilizzare farmaci che blocchino la replicazione virale in cellule, ovvero gli anti-virali".

Covid, Prof. Zollo (Federico II): "La stima di Omicron non è certa. Deltacron? Non sappiamo se fusione sia davvero avvenuta" (napolitoday.it)

NAPOLITODAY

Redazione
11 gennaio 2022 11:30

Si parla di
coronavirus
covid-19
ricerca
università Federico II
varianti covid
Massimo Zollo

Sullo stesso argomento

SALUTE
Covid, 87mila nuovi casi nell'ultima settimana in Campania: crescita del 38%

SALUTE

Covid, Prof. Zollo (Federico II): "La stima di Omicron non è certa. Deltacron? Non sappiamo se fusione sia davvero avvenuta"

Parla il docente di genetica all'Università degli Studi di Napoli: "Si può affermare che Omicron potrebbe non essere determinata dai test antigenici rapidi molecolari"

"La stima di Omicron non è certa con approccio dei 'non sensibili a S', ovvero tecniche tipo l'amplificazione genica con rilevazione quantitativa. Fin quando non si sequenziano tutti i virus isolati da tamponi e si ha una definizione certa, non si può dichiarare che l'incidenza sia esattamente misurata, anche se lo studio dell'Istituto Superiore di Sanità è effettuato in un campione della popolazione analizzata". E' quanto spiega all'agenzia Dire il docente di genetica della Federico II di Napoli, il Prof. Massimo Zollo, che è anche principal investigator presso il Ceinge-biotecnologie avanzate e coordinatore della task force Covid-19 sempre del centro con sede nel capoluogo campano.

"Il virus muta anche in altre regioni geniche e non solo nella regione virale che codifica per S (spike). L'ipotesi di aumentare l'azione di sequenziamento (di oltre 5-10 volte quello previsto da ISS) è l'unica strada per avere un dato esatto dell'incidenza della nuova variante e la sua chiara valutazione come variante predominante, così pure per prevedere quale possa essere la nuova variante. La variante Omicron può essere identificata solo con la tecnica per eccellenza che ha il nome di sequenziamento genico attraverso tecnologie NGS e/o sequenziamento diretto dell'RNA messaggero con tecnologie Nanopore, la prima è la più utilizzata. Le altre tecniche come quella usata per i tamponi nasofaringei, attraverso l'amplificazione genica con rilevazione quantitativa, non identificano con certezza le varianti. I test antigenici rapidi molecolari sono stati disegnati sulle 'vecchie varianti'", spiega Zollo, il quale aggiunge che su queste varianti "hanno montato anticorpi che riconoscono la proteina N e la proteina spike. Mentre per N il carico mutazione di Omicron ha ricevuto un numero sostanziale di nuove mutazioni, per Spike le mutazioni sono molte di più rispetto alle vecchie varianti. Si può affermare che Omicron potrebbe non essere determinata dai test antigenici rapidi molecolari e questo avviene anche in base alla loro medio/bassa sensibilità alla carica virale".