

REGIONE Due progetti per migliorare la conoscenza del virus

Analisi e banca dati contro il Covid

Due nuovi progetti per sviluppare la conoscenza delle caratteristiche del Covid-19 e le sue interazioni con la popolazione prenderanno a breve il via in Veneto. Li ha approvati la giunta regionale, su proposta dell'assessore alla sanità, Manuela Lanzarin, stanziando complessivamente 665 mila euro. Si tratta di un "Progetto per Valutare la prevalenza e la diffusione di Sars-Cov-2 nella popolazione", in collaborazione con l'università di Padova (185 mila euro di finanziamento) e della "Creazione di una banca dati regionale delle sequenze di Sars-Cov-2 isolati in Veneto", a cura dell'Istituto Zooprofilattico delle Venezie (257 mila euro all'Izs e 223 mila euro alle Ulss che vi collaboreranno).

"Mentre affrontiamo con la sanità ospedaliera e territoriale e con intense attività di prevenzione la seconda fase acuta del virus - dice la Lanzarin - con questi due progetti guardiamo anche al futuro. Studieremo diverse situazioni mai affrontate organicamente finora, lavoreremo su dati che saranno acquisiti con lo scopo specifico di dare nuove risposte e creare nuove conoscenze sul Covid e sulla popolazione, creeremo la prima banca dati regionale sui casi isolati in Veneto. La forza iniziale di questo virus - conclude l'Assessore - è stata quella di essere assolutamente sconosciuto, costringendo scienza e sanità a partire da zero. Stiamo pagando un doloroso tributo di malati e vittime, ma ora si apre un'altra fase: come qualsiasi nemico, più lo conosci a fondo, più hai possibilità di bat-

terlo. E' ciò che stiamo facendo in Veneto contro il Covid".

Il Progetto dell'università di Padova, che sarà coordinato dalla direzione regionale prevenzione, in collaborazione con Azienda zero e con il dipartimento di scienze cardio-toraco-vascolari e di sanità pubblica dell'ateneo, si propone di analizzare alcuni aspetti (screening, prevalenza, contact tracing e vaccinazione) molto rilevanti per la prevenzione, nell'ottica di fornire elementi utili ad adeguare la programmazione al variare dello scenario epidemiologico. L'obiettivo generale è quello di uno screening sulla popolazione in generale intercettando in modo attivo i soggetti asintomatici in contesti ad elevata affluenza, appartenenti a setting e a differenti classi di età.

Due gli obiettivi specifici: valutare le modalità di circolazione del virus in vari scenari spaziali e temporali sviluppando modelli di diffusione sulla base dei dati raccolti dai dipartimenti di prevenzione; creare un supporto alla programmazione dell'offerta vaccinale prossima, valutando le coperture vaccinali per la categoria specifica, per classi di età e per condizioni di rischio. La stima dei soggetti da arruolare è di almeno 3.011 persone, su base volontaria. I dati provenienti dalle indagini epidemiologiche condotte dai dipartimenti di prevenzione verranno analizzati per costruire una modellistica epidemiologica che considererà la natura reale dei contagi.

Nel contempo, l'istituto zooprofilattico delle Venezie lavorerà alla crea-

zione di una banca dati regionale delle sequenze di Sars-Cov-2 isolate in Veneto, partendo dal presupposto che il sequenziamento del genoma del virus svolge un ruolo cruciale nel definire le dinamiche di evoluzione, trasmissione e diffusione del virus. Nella banca dati verranno raccolte e analizzate le sequenze di un campione rappresentativo di Sars-Cov-2 isolate dalle Ulss del Veneto. L'Izsv fornirà ai laboratori che invieranno i campioni le caratteristiche qualitative e quantitative minime che garantiscano l'integrità dell'Rna e la possibilità di procedere con il sequenziamento. Per i campioni di archivio sarà chiesto inizialmente a ciascuna Ulss di inviare 20 campioni, selezionati per data di raccolta, collezionati durante tutto il periodo di circolazione del virus, prima, durante e dopo il lockdown, per creare una base storica per il Covid. Ulteriori campioni potranno essere richiesti a ciascuna Ulss secondo precisi criteri clinici, per verificare l'emergere di varianti del virus selezionate sulla base della forma clinica dell'infezione (grave, lieve, asintomatica); dei segni clinici (forme respiratorie, forme atipiche come quelle gastro-intestinali, nervose, cutanee); e degli specifici trattamenti farmacologici (plasma iperimmune, altri farmaci utilizzati). L'analisi comprende la generazione del genoma mediante sequenziamento, analisi bioinformatica, interpretazione dei risultati, stesura del report.

© RIPRODUZIONE RISERVATA



Due progetti
della Regione
per rendere
più efficace
la lotta
alla pandemia
da coronavirus



L'assessore regionale Manuela Lanzarin