

# Covid-19: nuova tecnica sequenziamento Rna a Spallanzani

Data: Invalid Date | Autore: Redazione



Coronavirus: nuova tecnica sequenziamento Rna a Spallanzani. Più veloce e precisa di altre finora in uso

ROMA, 27 MAR - Una nuova tecnica per ottenere in modo più veloce e preciso il sequenziamento completo del genoma del Sars Cov-2 è stata utilizzata all'Istituto per le Malattie Infettive Spallanzani di Roma e i dati confermano che, pur presentando la capacità di variare, in generale il genoma del virus è stabile.

•  
Ciò, "aumenta la probabilità che i futuri vaccini possano avere un tasso di efficacia più elevato", afferma Maria Rosaria Capobianchi, direttrice del Laboratorio di Virologia dell'Istituto. Finora sono oltre 1700 i sequenziamenti del genoma del Sars-Cov-2 effettuati nel mondo e depositati sulla banca dati internazionale: un lavoro importantissimo perché più numerose sono le sequenze complete del virus, meglio si riesce a tracciarne la traiettoria evolutiva, individuare possibili varianti più patogene, monitorare l'affidabilità dei metodi diagnostici, identificare i target per un potenziale vaccino e tracciare le catene di trasmissione.

In questo caso, i ricercatori dello Spallanzani si sono avvalsi di un nuovo kit della Thermo Fisher, chiamato Ion AmpliSeq Sars-Cov-2, che permette di velocizzare e migliorare l'accuratezza dell'analisi dell'RNA del virus, grazie ai metodi di ultima generazione. Usando questo approccio è stato possibile anche visualizzare in ciascun campione la presenza di genomi che presentavano posizioni variate rispetto a quello dominante, ricostruendo una sorta di albero genealogico del virus.

- "La capacità di eseguire rapidamente il sequenziamento di più campioni clinici e di decifrare accuratamente i cambiamenti chiave nel codice genetico del virus è cruciale per conoscerle meglio e sviluppare strategie per combatterlo", afferma Capobianchi. "Grazie all'elevato potere di risoluzione realizzato con questo nuovo tipo di sequenziamento NGS - conclude - siamo in grado di analizzare la presenza di varianti anche minoritarie che si generano nel corso della replicazione virale. Cosa non possibile con altri approcci di sequenziamento".

---

Articolo scaricato da [www.infooggi.it](http://www.infooggi.it)

<https://www.infooggi.it/articolo/covid-19-nuova-tecnica-sequenziamento-rna-spallanzani/120038>

