

Pandemie

I virus devono essere trasparenti

di Ilaria Capua*

Così come esiste un sistema per identificare i delinquenti attraverso le impronte digitali ed altri parametri biometrici, esiste anche la possibilità di identificare e studiare i microorganismi patogeni attraverso l'analisi del loro codice genetico. I sistemi di identificazione di coloro che delinquono si basano su una rete internazionale di schedatura, permettendo alle autorità di un Paese di identificare un criminale in un altro Paese oppure in tempi passati.

Sotto alcuni aspetti i patogeni emergenti sono un po' come i delinquenti. Vi sono malattie, dette appunto emergenti, che hanno una caratteristica che le accomuna: le conosciamo poco - e soprattutto non possiamo fare delle previsioni su come evolveranno nella popolazione umana poiché spesso emergono dal serbatoio animale. Il classico esempio è quello delle infezioni influenzali di origine animale, le cosiddette febbri "aviaria" e "suina", per le quali stiamo conoscendo l'evoluzione epidemiologica e clinica nell'uomo man mano che si verificavano i casi di contagio umano. Sembra ovvio e logico che le informazioni genetiche dei patogeni, le loro impronte digitali, venissero diffuse a tutti i ricercatori del mondo tempestivamente, in modo da poter attuare programmi di ricerca basati su dati aggiornati in tempo reale. I laboratori di ricerca medici e veterinari di tutto il mondo generano sequenze genetiche come attività routinaria e accade, anche in caso di una imminente minaccia per la salute pubblica, che tali sequenze vengano rese note soltanto mesi o anni dopo - o addirittura mai.

Rispetto al 2006, anno nel quale la comunità scientifica internazionale fu scossa dalla mia decisione di depositare la sequenza del virus H5N1 africano in un database open-access, declinando l'offerta di condividerla soltanto ad una cerchia ristretta di ricercatori, molte cose sono cambiate. Si è aperto un intenso dibattito internazionale che ha affrontato le implicazioni etiche della condivisione in tempo reale di informazioni che permettono di salvaguardare la salute pubblica. E questo ha permesso di decifrare il genoma del virus dell'influenza suina in poche ore. Ma tutto ciò non è ancora sufficiente. Anche se, in teoria, la condivisione delle informazioni è l'unica strada percorribile per accelerare la ricerca, in pratica le regole del gioco non sono chiare o non vengono applicate.

La prossima settimana, in occasione dell'assemblea generale dell'Oms, il governo olandese con il sostegno del Ministero della Salute italiano, presenterà una *position paper* sulla condivisione dei dati genetici ottenuti da microbi che rappresentano una minaccia per la salute pubblica. È una proposta concreta, che aprirà una nuova era per la ricerca in questo campo. E chissà che, sulle ali dell'aviaria, nasca un modello di condivisione da sfruttare anche in altri campi della ricerca biomedica.

*Director OIE/FAO Intern. Reference Laboratory for Newcastle Disease and Avian Influenza and OIE Collaborating Center Diseases at the human-animal interface
Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezia

© RIPRODUZIONE FINSE FAVATA

