

Πώς μπορούμε να προβλέψουμε την επόμενη μετάλλαξη: η αλληλούχιση επόμενης γενιάς και τα ανοικτά δεδομένα είναι ο ακρογωνιαίος λίθος της μοριακή επιτήρησης της πανδημίας

Οι νέες τεχνολογίες διαβάσματος των γονιδιωμάτων γνωστές ως Τεχνολογίες Αλληλούχισης Επόμενης Γενιάς (Next Generation Sequencing) έχουν προκαλέσει επανάσταση σε όλους τους τομείς της Βιολογίας και της Ιατρικής. Η συμβολή αυτών των τεχνολογιών είχε καίρια σημασία στην έγκαιρη ανακάλυψη του κορωνοϊού, στην ταχεία ανάπτυξη διαγνωστικών μεθόδων, στον γρήγορο σχεδιασμό εμβολίων και στην περιγραφή των μεταλλαγμένων στελεχών. Συγχρόνως, έχει αναδειχθεί η σημασία να παρέχεται άμεσα πρόσβαση σε αυτά τα δεδομένα σε όλους τους ερευνητές χωρίς να υπεισέρχονται κανόνες πνευματικών δικαιωμάτων μία πολιτική που παίρνει μεγάλες διαστάσεις στην σύγχρονη επιστήμη και είναι γνωστή ως Ανοικτά Δεδομένα (open data). Οι Καθηγητές της Ιατρικής Σχολής του Εθνικού και Καποδιστριακού Πανεπιστημίου Αθηνών, **Γκίκας Μαγιορκίνης** και **Θάνος Δημόπουλος** (Πρύτανης ΕΚΠΑ) επικαιροποιούν τις γνώσεις μας στον τομέα αυτό.

Οι τεχνολογίες αλληλούχισης επόμενης γενιάς σε συνδυασμό με την πολιτική των ανοικτών δεδομένων αποτελούν τον ακρογωνιαίο λίθο της σύγχρονης μοριακής επιτήρησης της πανδημίας από τα πρωταρχικά στάδια της. Αν οι κινέζοι επιστήμονες δεν είχαν διαθέσει ως ανοικτά δεδομένα σε όλον τον κόσμο το γονιδίωμα του ιού άμεσα εντός του πρώτου δεκαημέρου του Ιανουαρίου του 2020 τότε θα ήταν αδύνατος ο έγκαιρος σχεδιασμός διαγνωστικών μεθόδων και εμβολίων.

Το δίδυμο τεχνολογιών αλληλούχισης επόμενης γενιάς-ανοικτά δεδομένα είναι ο μόνος τρόπος για να μπορούμε να παρακολουθούμε έγκαιρα την έλευση νέων μεταλλαγμένων στελεχών. Υπό αυτό το πρίσμα δημοσιεύεται στο περιοδικό *New England Journal of Medicine* ένα άρθρο προοπτικής με τον τίτλο «Ταυτοποίηση και παρακολούθηση στελεχών SARS-CoV-2, μία πρόκληση και μία ευκαιρία» που αναφέρει πώς θα πρέπει να κτισθεί ένα δίκτυο διαβάσματος και δημόσιας διάθεσης γονιδιωμάτων του SARS-CoV-2 στις Ηνωμένες Πολιτείες.

Ο πιο ενδεδειγμένος τρόπος διάθεσης των γονιδιωμάτων του SARS-CoV-2 είναι μέσω της πλατφόρμας GISAID (<https://www.gisaid.org>). Τόσο οι διεθνείς οργανισμοί (π.χ. ECDC) όσο και μηχανισμοί χρηματοδότησης τονίζουν ότι για να μπορεί να γίνει έγκαιρη και έγκυρη ανίχνευση των νέων μεταλλαγμένων στελεχών απαιτείται η διάθεση των γονιδιακών δεδομένων SARS-CoV-2 στη συγκεκριμένη πλατφόρμα εντός 2 εβδομάδων από την στιγμή της δειγματοληψίας. Ο ECDC συστήνει στις χώρες να καλύπτουν το 5-10% των νέων διαγνώσεων μιας χώρας ή τουλάχιστον 500 στελέχη, αλλά οι περισσότερες Ευρωπαϊκές χώρες απέχουν αρκετά από αυτούς τους στόχους.

Επί του παρόντος έχουν διαβασθεί και διατεθεί στην GISAID πάνω από 1.9 εκατομμύρια γονιδιώματα του ιού, ενώ στις χώρες που έχουν πάρει σοβαρά την μοριακή επιτήρηση συμπεριλαμβάνονται το Ηνωμένο Βασίλειο, οι Ηνωμένες Πολιτείες της Αμερικής, η Γερμανία, η Αυστραλία, όπως φαίνεται από τον αριθμό των γονιδιωμάτων που έχουν διαθέσει. Υπάρχουν ωστόσο αρκετές χώρες που δεν έχουν την δυνατότητα να αναλύσουν ικανοποιητικό αριθμό γονιδιωμάτων ενώ άλλες δεν υιοθετούν επαρκώς την πολιτική ανοικτών δεδομένων καθώς δεν κάνουν άμεσα διαθέσιμα τα γονιδιακά δεδομένα συνήθως

ακολουθώντας μία παρωχημένη λογική περί πνευματικών δικαιωμάτων εξασθενώντας έτσι την δυνατότητα έγκαιρου εντοπισμού μεταλλαγμένων στελεχών.

Καθώς ο εμβολιασμός προχωράει και η επιδημία υποχωρεί είναι προφανές ότι το με δεδομένη την ικανοποιητική εμβολιαστική κάλυψη το ενδεχόμενο ενός νέου κύματος θα συμβεί λόγω έλευσης μεταλλαγμένου στελέχους που είτε θα έχει αυξημένη μεταδοτικότητα είτε θα διαφεύγει της ανοσολογικής απάντησης από το εμβόλια είτε και τα δύο. Ο μόνος τρόπος που έχουμε για να εντοπίσουμε έγκαιρα την έλευση αυτών των μεταλλαγμένων στελεχών είναι μέσω της διαρκούς και επαρκούς γονιδιωματικής επιτήρησης, αλλά κυρίως της πλήρους εφαρμογής της πολιτικής των ανοικτών δεδομένων ώστε όλοι οι ερευνητές στον κόσμο να μπορούν να συγκρίνουν την εξέλιξη της πανδημίας σε πραγματικό χρόνο.