



PhD week 15-18 Aprile 2024



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI BRESCIA

SERENA MESSALI

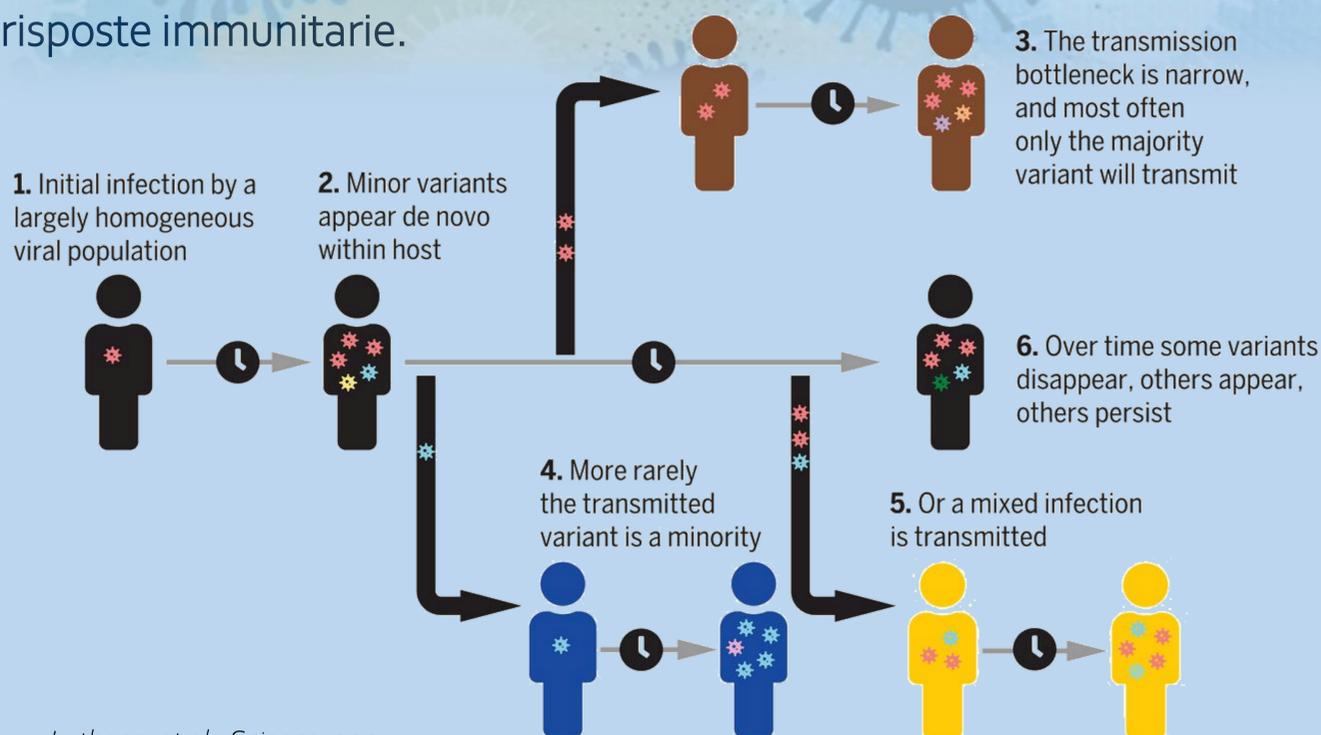
Tutor: prof. Arnaldo Caruso

SCIENZE BIOMEDICHE E

MEDICINA TRASLAZIONALE

## QUASISPECIE VIRALI

Un virus a RNA che infetta un ospite non è rappresentato da una singola entità, ma consiste in un insieme di virus replicanti caratterizzati da sequenze genomiche strettamente correlate, definite quasispecie. Questa complessità genomica, con un tasso mutazionale stimato di  $10^{-3}$  sostituzioni per nucleotide per ciclo replicativo, consente al virus sia di trovare la variante che meglio si adatti all'ospite sia di eludere le risposte immunitarie.



Lythgoe et al., Science, 2021

### COME SI STUDIOANO?

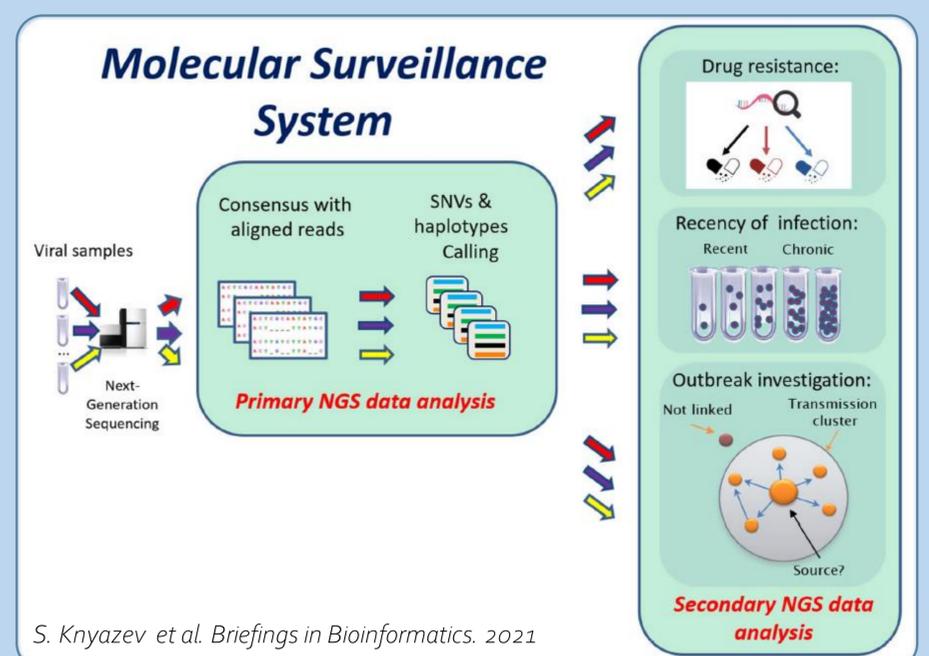
L'analisi secondaria dei dati di sequenziamento dell'intero genoma tramite tecnologia *Next Generation Sequencing* (NGS) permette di studiare le variazioni a singolo nucleotide (SNVs) minoritarie, presenti anche solo nel 1% della popolazione virale

### APPLICAZIONI E VANTAGGI

- Studiare varianti virali minoritarie (es. per lo studio delle farmaco-resistenze)
- Determinare la tempistica e lo stadio di un'infezione cronica
- Eseguire indagini epidemiologiche e sorvegliare i cluster di infezione
- Prevedere l'emergere di nuove varianti con migliore fitness

### OBBIETTIVI DELLO STUDIO

1. Documentare la presenza di quasispecie virali in pazienti immuno-compromessi in cui si osserva una prolungata replicazione attiva di SARS-CoV-2
2. Dimostrare la presenza di quasispecie minoritarie anche in soggetti immuno-competenti vaccinati
3. Testare la possibilità di utilizzare le SNVs intra-ospite come strumento per ricostruire le catene di trasmissione tra donatore e ricevente



S. Knyazev et al. Briefings in Bioinformatics. 2021