

Cronaca

## Covid, c'è la genetica dietro ai casi più gravi

Ecco cosa può predisporre a sintomi maggiormente aggressivi secondo lo studio Ceinge-Biotecnologie

Covid e gravità della malattia. Non sono solo i fattori di rischio del Coronavirus, quale l'età avanzata, l'essere uomo e le comorbidità, a fare la differenza. I ricercatori del Ceinge-Biotecnologie avanzate di Napoli, già un anno fa, all'inizio di questa devastante pandemia, avevano ipotizzato che i fattori genetici possono contribuire allo sviluppo di una forma di Covid-19 più aggressiva. Oggi lo stesso team di studiosi, guidato da Mario Capasso e Achille Iolascon, professori di Genetica medica dell'Università degli studi di Napoli Federico II e Principal Investigator del Ceinge, ha validato quell'ipotesi, grazie a uno studio genetico, pubblicato sulla rivista internazionale iScience (Cell Press), dai numeri veramente rilevanti.

Sono stati esaminati, infatti, i dati genetici di più di 7mila soggetti positivi, che avevano sviluppato una forma grave di malattia e che erano sottoposti a cure ospedaliere, e di circa 1 milione di soggetti sani. In particolare, i ricercatori hanno eseguito un'analisi approfondita del cromosoma 21, che ha svelato il ruolo determinante di 5 varianti genetiche nell'alterare le funzioni dei geni Tmprss2 e MX1 e nel predisporre i soggetti a manifestare sintomi gravi del Covid-19.

I risultati sono stati raggiunti grazie al contributo di Immacolata Andolfo (biologa ricercatrice del Ceinge) e Roberta Russo (biologa ricercatrice di Genetica medica dell'Università degli studi di Napoli Federico II e Ceinge) e grazie alla collaborazione internazionale con il consorzio "Covid-19 Host Genetics Initiative", che ha reso possibile l'acquisizione dei dati genetici di soggetti provenienti da diversi paesi europei e di diversa età e sesso.

"Questo studio - spiega Mario Capasso - getta le basi per mettere a punto nuovi test genetici che permettono di predire quali sono i soggetti ad alto rischio di sviluppare manifestazioni cliniche gravi del Covid-19". "Inoltre - sottolinea Achille Iolascon - i due geni (Tmprss2 e Mx1) trovati più frequentemente mutati nel gruppo dei pazienti gravi, potrebbero essere potenziali bersagli terapeutici". E non è tutto. "Un punto di forza di questo studio - continua Capasso - sta nel fatto che abbiamo utilizzato tecniche computazionali create ad hoc per studiare una così grande mole di dati genomici".

I numeri dello studio: coinvolti 143 centri di ricerca internazionali- Consorzio 'The Covid-19 Host Genetics Initiative'. Analizzati i dati genetici di 7mila positivi con una forma grave di Covid - 19 di origine Europea, tra cui anche gli italiani, 182 positivi con una forma grave di Covid -19 di origine africana, 386

positivi con una forma grave di Covid-19 di origine asiatica, 1 milione di soggetti sani. Scoperto il ruolo di 5 varianti genetiche che alterano le funzioni dei geni Tmprss2 e Mx1

RIPRODUZIONE RISERVATA © COPYRIGHT ADNKRONOS

[Covid, c'è la genetica dietro ai casi più gravi \(adnkronos.com\)](https://www.adnkronos.com)

25 marzo 2021 | 13:42  
Aggiornato 14:55

adnkronos

Home Cronaca

## Covid, c'è la genetica dietro ai casi più gravi

25 marzo 2021 | 13:42  
LETTURA: 2 minuti

Ecco cosa può predisporre a sintomi maggiormente aggressivi secondo lo studio Ceinge-Biotecnologie



(Fotogramma)

Covid e gravità della malattia. Non sono solo i fattori di rischio del Coronavirus, quale l'età avanzata, l'essere uomo e le comorbidità, a fare la differenza. I ricercatori del Ceinge-Biotecnologie avanzate di Napoli, già un anno fa, all'inizio di questa devastante pandemia, avevano ipotizzato che i fattori genetici possono contribuire allo sviluppo di una forma di Covid-19 più aggressiva. Oggi lo stesso team di studiosi, guidato da Mario Capasso e Achille Iolascon, professori di Genetica medica dell'Università degli studi di Napoli Federico II e Principal Investigator del Ceinge, ha validato quell'ipotesi, grazie a uno studio genetico, pubblicato sulla rivista internazionale iScience (Cell Press), dai numeri veramente rilevanti.