

Lo studio dei ricercatori del Ceinge di Napoli

C'è una causa genetica che fa ammalare gravemente di Covid: scoperto il ruolo di 5 varianti

Di Elena Del Mastro

Studi scientifici hanno già dimostrato che i fattori di rischio che influenzano il Covid sono l'età avanzata, il sesso maschile e le comorbidità. A Napoli il team di ricercatori del Ceinge ha aggiunto un nuovo tassello alle conoscenze del virus che ha messo in ginocchio l'intero mondo. I ricercatori del CEINGE-Biotecnologie avanzate di Napoli hanno analizzato i dati genetici di oltre 1 milione e 7mila campioni di cittadini europei sani e pazienti positivi ricoverati in ospedale e hanno scoperto che c'è una causa genetica che fa ammalare gravemente di Covid-19. Sono inoltre state trovate cinque mutazioni che alterano la funzionalità di due geni.

È noto che i fattori di rischio per la malattia da SARS-CoV-2 sono l'età avanzata, il sesso maschile e le comorbidità, ma tali fattori non ne spiegano completamente l'ampio spettro di manifestazioni cliniche. I ricercatori del polo 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 ad 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 prezioso 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”.

Per lo studio sono stati coinvolti 143 centri di ricerca internazionali- Consorzio The COVID-19 Host Genetics Initiative che hanno analizzato 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.

[C'è una causa genetica che fa ammalare gravemente di Covid: scoperto il ruolo di 5 varianti - Il Riformista](#)

The image shows a screenshot of a news article from the website 'Il Riformista'. The article is titled 'C'è una causa genetica che fa ammalare gravemente di Covid: scoperto il ruolo di 5 varianti' and is dated 23 March 2021. The author is listed as Elena Del Maestro. The article features a photograph of a person in a blue protective suit and mask, likely a healthcare worker, holding a patient. The text of the article discusses the discovery of five genetic variants that increase the severity of COVID-19, specifically mentioning the TMPRSS2 and MX1 genes. It also notes that the study involved over a million samples from healthy individuals and patients with severe COVID-19 across various European countries.