

Primo Piano

La scoperta del Ceinge sul Covid-19

Di Redazione



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. È noto che i fattori di rischio per la malattia da Sars-CoV-2 sono l'età avanzata, il sesso maschile e le comorbidity, ma tali fattori non ne spiegano completamente l'ampio spettro di manifestazioni cliniche. 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 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”.

[La scoperta del Ceinge sul Covid-19 - quotidianonapoli.it](http://quotidianonapoli.it)

