

Covid, identificata la causa genetica che fa ammalare gravemente: la scoperta a Napoli

Di Redazione

Napoli – 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 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 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.

[Covid, identificata la causa genetica che fa ammalare gravemente: la scoperta a Napoli \(anteprima24.it\)](#)



The image is a screenshot of a news article from the website Anteprima24.it. The article is titled "Covid, identificata la causa genetica che fa ammalare gravemente: la scoperta a Napoli". The page layout includes a header with the website name and navigation menu, a main image showing a person in a lab coat, and a large text block containing the article's content. The text discusses the discovery of a genetic mutation in the ACE2 gene, which is associated with severe COVID-19 symptoms. The article mentions that this discovery was made by researchers at the University of Naples and the Institute of Microbiology and Biotechnology (IMB) at the University of Naples. It also mentions that the discovery was published in the journal Nature Genetics. The article includes several sub-headers and images, such as "Scoperta genetica", "Geni ACE2", and "Scoperta genetica".