

5 mutazioni fanno ammalare gravemente di Covid-19

Di Andrea Sperelli

Analizzati i dati genetici di oltre 7.000 soggetti positivi



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, 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».

[Psicologia 5 MUTAZIONI FANNO AMMALARE GRAVEMENTE DI COVID-19 notizie di salute su Psicologia \(italiasalute.it\)](https://www.italiasalute.it/psicologia/5-mutazioni-fanno-ammalare-gravemente-di-covid-19-notizie-di-salute-su-psicologia/)

The screenshot shows the homepage of italiasalute.it. At the top, there is a navigation menu with links for HOME, BENESSERE, BELLEZZA, FITNESS, GRAVIDANZA, CURARSI A ROMA, and FARMACIA. Below the menu is a sidebar with a list of medical specialties under the heading 'Sezioni mediche'. The main content area features an article titled '5 mutazioni fanno ammalare gravemente di Covid-19' with a sub-headline 'Analizzati i dati genetici di oltre 7.000 soggetti positivi'. The article includes a blue-tinted image of a globe with a network of connections and a virus particle. The text of the article discusses the genetic factors associated with severe COVID-19, mentioning researchers Mario Capasso and Achille Iolascon from the CEINGE-Biotechnology Center in Naples. It notes that the study analyzed the genomes of over 7,000 positive subjects and identified five mutations that increase the risk of severe disease. The article concludes with a link to the full text on the second page.