

Salute

Covid, trovate cinque mutazioni che alterano due geni

La scoperta dei ricercatori del CEINGE - Biotecnologie avanzate di Napoli. C'è una causa genetica che fa ammalare gravemente di Covid. Il professor Capasso: "Gettate le basi per i test genetici: permetteranno di capire quali sono le persone ad alto rischio"

C'È UNA causa genetica che fa ammalare gravemente di Covid-19. I ricercatori del CEINGE-Biotecnologie avanzate di Napoli, hanno analizzato i dati genetici di oltre 1 milione e 700 mila campioni di cittadini europei sani e pazienti positivi ricoverati in ospedale trovando 5 mutazioni genetiche 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 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 700 mila 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».

I numeri dello studio

Sono stati coinvolti 143 centri di ricerca internazionali- Consorzio The COVID-19 Host Genetics. E 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.

[Covid, trovate cinque mutazioni che alterano due geni - la Repubblica](#)

