

# CEINGE di Napoli: scoperte cause genetiche dei casi asintomatici di Covid 19

Di Luigi Maria Mormone

Importante studio realizzato dal CEINGE di Napoli: almeno tre mutazioni genetiche rare sono all'origine dei casi asintomatici di Covid 19.

Una nuova importante scoperta scientifica sul Covid 19 è stata fatta a Napoli, dove è stato sviluppato uno studio sui casi asintomatici, che derivano da almeno tre mutazioni genetiche rare, le quali agiscono indebolendo i geni coinvolti nei processi di attivazione del sistema immunitario.

La ricerca si deve al gruppo del Ceinge-Biotecnologie di Napoli, diretto da Mario Capasso e Achille Iolascon, entrambi docenti di Genetica medica dell'Università Federico II di Napoli. Questo studio è stato pubblicato sulla rivista *Genetics in Medicine*, per cui potrebbe aprire la strada a nuove tecniche di diagnosi e a nuove terapie contro il virus: i dati sono ora disponibili online a tutti i ricercatori del mondo.

La ricerca, cui hanno collaborato Pellegrino Cerino, dell'Istituto Zooprofilattico di Portici, e Massimo Zollo, coordinatore della task-force Covid del Ceinge e docente di Genetica della Federico II, si è basata sull'analisi dei campioni di Dna di circa 800 individui rimasti asintomatici dopo l'infezione da Covid 19, pur avendo fattori di rischio come l'età avanzata. CEINGE di Napoli: scoperte cause genetiche dei casi asintomatici di Covid 19 "Sono stati analizzati tutti i geni finora conosciuti utilizzando sequenziatori di ultima generazione e ottenendo così un'enorme mole di dati genetici -rileva Mario Capasso all'Ansa – Strategie di analisi bioinformatiche avanzate, messe a punto grazie al contributo del giovane ricercatore Giuseppe D'Alterio e del team di esperti bioinformatici del Ceinge hanno poi permesso di identificare mutazioni patogenetiche rare che erano significativamente più frequenti nei soggetti infetti e asintomatici e non in una grande casistica di circa 57.000 soggetti sani".

I geni coinvolti nelle infezioni asintomatiche sono 3, ovvero Masp1, Colec10 e Colec11 e appartengono alla famiglia delle proteine della lectina, la proteina coinvolta nel processo di riconoscimento cellulare: "Oggi è ampiamente dimostrato -prosegue Capasso – che l'eccessiva risposta immunitaria all'infezione da SarsCoV2 e la successiva iper-attivazione dei processi pro-infiammatori e pro-coagulativi sono la causa principale del danno agli organi come polmoni, cuore, rene. La nostra ricerca dimostra che le mutazioni del genoma umano che attenuano questa eccessiva reazione immunitaria possono predisporre a un'infezione senza sintomi gravi".

“Possiamo utilizzare queste mutazioni – dichiara Achille Iolascon – per individuare soggetti che sono predisposti a sviluppare forme meno gravi o asintomatiche della malattia Covid-19. Inoltre i livelli sierici dei tre geni individuati potrebbero essere utilizzati come marcatori prognostici della malattia grave. Infine, oggi sappiamo qualcosa in più sulle basi biologiche di questa malattia e dunque abbiamo qualcosa su cui lavorare per sviluppare nuovi trattamenti farmacologici”.

[CEINGE di Napoli: scoperte cause genetiche dei casi asintomatici di Covid 19 \(2anews.it\)](#)

