

Covid: scoperte in Italia cause genetiche casi asintomatici

DI Redazione ANSA

Ricerca del Ceinge, i dati liberamente accessibili online

(ANSA) - ROMA, 09 MAG - Almeno tre mutazioni genetiche rare sono all'origine dei casi asintomatici di Covid-19.

Agiscono indebolendo i geni coinvolti nei processi di attivazione del sistema immunitario e la loro scoperta, avvenuta in Italia, potrebbe aprire la strada a nuove tecniche di diagnosi e a nuove terapie.

Publicato sulla rivista *Genetics in Medicine*, il risultato è di Mario Capasso e Achille Iolascon, entrambi docenti di Genetica medica dell'Università Federico II di Napoli. 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 SarsCoV2, pur avendo fattori di rischio come l'età avanzata. "Sono stati analizzati tutti i geni finora conosciuti utilizzando sequenziatori di ultima generazione e ottenendo così un'enorme mole di dati genetici", rileva Capasso.

"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 - prosegue - 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 tre, si chiamano Masp1, Colec10 e Colec11 e appartengono alla famiglia delle proteine della lectina, la proteina coinvolta nel processo di riconoscimento cellulare. "Oggi è ampiamente dimostrato che l'eccessiva risposta immunitaria all'infezione da SarsCoV2 e la successiva iperattivazione dei processi pro-infiammatori e pro-coagulativi sono la causa principale del danno agli organi come polmoni, cuore, rene", osserva Capasso, e "la nostra ricerca dimostra che le mutazioni del genoma umano che attenuano questa eccessiva reazione immunitaria possono predisporre a un'infezione senza sintomi gravi". (ANSA).

[Covid: scoperte in Italia cause genetiche casi asintomatici - Cronaca - ANSA](#)

The screenshot shows the ANSA Cronaca website interface. At the top, there's a navigation bar with 'Cronaca', 'Politica', 'Economia', 'Regioni', 'Mondo', 'Cultura', and 'Tecnologia'. Below that, a sub-navigation bar lists various topics like 'Ambiente', 'ANSAD200', 'ANSAViaggi', 'Eccellenze', 'Industry 4.0', 'Legati', 'Lifestyle', and 'Mare'. The main article title is 'Covid: scoperte in Italia cause genetiche casi asintomatici'. The byline reads 'Ricerca del Ceinge, i dati liberamente accessibili online'. The article text begins with '(ANSA) - ROMA, 09 MAG - Almeno tre mutazioni genetiche rare sono all'origine dei casi asintomatici di Covid-19.' and continues with 'Agiscono indebolendo i geni coinvolti nei processi di attivazione del sistema immunitario e la loro scoperta, avvenuta in Italia, potrebbe aprire la strada a nuove tecniche di diagnosi e a nuove terapie.' The article is dated '09 maggio 2022' and has a 'NEWS' tag. There are social media sharing icons for Facebook, Twitter, and others. The article text continues with 'Publicato sulla rivista *Genetics in Medicine*, il risultato è di Mario Capasso e Achille Iolascon, entrambi docenti di Genetica medica dell'Università Federico II di Napoli. I dati sono ora disponibili online a tutti i ricercatori del mondo.' and '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 SarsCoV2, pur avendo fattori di rischio come l'età avanzata. "Sono stati analizzati tutti i geni finora conosciuti utilizzando sequenziatori di ultima generazione e ottenendo così un'enorme mole di dati genetici", rileva Capasso. "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 - prosegue - 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 tre, si chiamano Masp1, Colec10 e Colec11 e appartengono alla famiglia delle proteine della lectina, la proteina coinvolta nel processo di riconoscimento cellulare. "Oggi è ampiamente dimostrato che l'eccessiva risposta immunitaria all'infezione da SarsCoV2 e la successiva iperattivazione dei processi pro-infiammatori e pro-coagulativi sono la causa principale del danno agli organi come polmoni, cuore, rene", osserva Capasso, e "la nostra ricerca dimostra che le mutazioni del genoma umano che attenuano questa eccessiva reazione immunitaria possono predisporre a un'infezione senza sintomi gravi". (ANSA).