

Asintomatici Covid, scoperte le cause genetiche dei casi in Italia

Di Ilaria Minucci

Asintomatici Covid: scoperte le cause genetiche dei casi. Secondo uno studio italiano, i casi asintomatici sono da ricollegare a tre mutazioni genetiche rare.

Un'equipe di ricercatori italiani ha scoperto che a determinare l'assenza di sintomi nei soggetti infettati da coronavirus sono tre mutazioni genetiche rare.

Secondo quanto rivelato dallo studio pubblicato sulla rivista *Genetics in Medicine*, le tre mutazioni agiscono indebolendo i geni che vengono coinvolti nei processi di attivazione del sistema immunitario di contagiati. La scoperta, avvenuta in Italia, potrebbe portare all'introduzione di nuove terapie e nuove tecniche di diagnosi.

La ricerca è stata condotta dal gruppo del Ceinge-Biotecnologie di Napoli diretto da Mario Capasso e Achille Iolascon, docenti di Genetica medica dell'Università Federico II di Napoli. All'indagine, poi, hanno collaborato anche Pellegrino Cerino, afferente all'Istituto Zooprofilattico di Portici, e Massimo Zollo, coordinatore della task-force Covid del Ceinge e docente di Genetica della Federico II.

Gli esperti hanno incentrato lo studio sull'analisi dei campioni di DNA prelevati da circa 800 individui classificati come asintomatici al Covid pur presentando fattori di rischio come, ad esempio, l'età avanzata.

I risultati emersi dall'indagine condotta in Italia, attraverso la pubblicazione scientifica, sono stati messi a disposizione del mondo intero.

Capasso sullo studio italiano: "I tre geni sono Masp1, Colec10 e Colec11"

A proposito dello studio, si è espresso il docente di Genetica medica dell'Università degli Studi di Napoli "Federico II", Mario Capasso, che ha dichiarato: "Sono stati analizzati tutti i geni finora conosciuti utilizzando sequenziatori di ultima generazione e ottenendo così un'enorme mole di dati genetici – e ha aggiunto –. 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".

Capasso, poi, ha spiegato: "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 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".

Iolascon sugli asintomatici Covid: "Creato database online con tutti i dati genetici per la comunità scientifica internazionale"

Il professor Achille Iolascon, inoltre, commentando le possibili applicazioni future della scoperta i cui dati sono stati resi accessibili alla comunità scientifica internazionale, ha affermato: "Abbiamo reso disponibili, in un database online tutti i dati genetici ottenuti, che altri studiosi potranno liberamente consultare per sviluppare nuove ricerche. Possiamo utilizzare queste mutazioni 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".

[Asintomatici Covid, scoperte le cause genetiche dei casi in Italia | LA NOTIZIA \(lanotiziagiornale.it\)](https://www.lanotiziagiornale.it/asintomatici-covid-scoperte-le-cause-genetiche-dei-casi-in-italia)

