

Dalla variabilità genetica dell'individuo dipende come e quanto il virus SARS-CoV2 aggredisce il nostro organismo

Publicato sulla rivista internazionale Science studio dell'Università di Siena

È stato pubblicato sulla rivista Science del mese di giugno uno studio, in collaborazione tra Università di Oxford (UK) e l'Università di Siena, su come la variabilità genetica individuale sia determinante per l'entrata del virus responsabile della malattia da Covid-19 e conseguente maggiore gravità della malattia stessa.

Sono stati identificati i meccanismi chimici e molecolari attraverso cui la variante del virus SARS-CoV-2 della prima ondata della pandemia, si attacca alle superfici cellulari dell'uomo.

La ricerca rappresenta la fruttuosa collaborazione internazionale tra l'Università di Oxford, che ha investigato la parte chimica di interazione degli zuccheri della superficie cellulare, e l'Università di Siena, alla guida del consorzio GEN-COVID, che ha identificato gli enzimi che modificano la formazione di tali zuccheri e la differenza genetica tra individuo e individuo.

Lo studio realizzato in Ateneo ha visto la collaborazione fra la Genetica Medica, coordinata dalla **professoressa Alessandra Renieri**, il laboratorio di Intelligenza Artificiale, diretto dal **professor Marco Gori** e il **professor Simone Furini**, data scientist del dipartimento di Biotecnologie Mediche.

«Il lavoro chiarisce quali sono gli enzimi chiave che attaccano gli zuccheri alle molecole di superficie dei vari epitelii, incluso quello polmonare, che permettono un attacco preliminare del virus, prima ancora dell'interazione con lo specifico recettore. - Commenta **Alessandra Renieri** -. Soggetti che hanno dei difetti funzionali in questi enzimi, producono dei complessi di zuccheri di superficie che sono meno favorevoli all'attacco del virus; quindi, sono protettivi rispetto alla malattia COVID-19».

«È eccitante vedere come il modello post mendeliano, che abbiamo ideato e pubblicato sulla rivista Human Genetics lo scorso anno, trovi successivamente delle validazioni funzionali, come in questo caso, - ha commentato **Furini** - a testimonianza della validità del modello sviluppato con tecniche di Machine Learning».

Il tutto è stato reso possibile grazie alla raccolta dei dati clinici, che ha visto coinvolte la dottoressa Margherita Baldassarri, specialista in Genetica Medica che attualmente sta svolgendo il dottorato di ricerca GenOMeC e la specializzanda in genetica medica dottoressa Francesca Fava, Sergio Daga, ricercatore in Genetica Medica, che ha coordinato i rapporti con l'Università di Oxford e la ricercatrice in Genetica Medica Chiara Fallerini.

*Per il consorzio GEN-COVID, coordinato dalla **professoressa Alessandra Renieri**, direttore della Genetica medica del Dipartimento di Biotecnologie Mediche dell'Università si tratta della ventitreesima pubblicazione sulla genetica dell'ospite responsabile della variabilità clinica di COVID-19.*

Foto:

La professoressa Alessandra Renieri e il professor Marco Gori

Comunicazione e stampa
Università di Siena
Add. Patrizia Caroni
335 497838 - 0577 235227