

Il «Negri» sul Covid Allo studio 870mila varianti genetiche

A PAGINA 20

Covid, l'indagine del Negri su 870mila varianti genetiche

Progetto Origin. Lo studio sui pazienti bergamaschi
Nel patrimonio genetico dei 1.200 intervistati la risposta
al diverso impatto fra malati gravi e asintomatici

LUCA BONZANNI

Perché, nella prima ondata, per alcune persone il Covid ha rappresentato una malattia gravissima e per altre, invece, l'infezione è stata solo paucisintomatica o asintomatica? Perché alcuni sono stati contagiati e alcuni non hanno

invece contratto il virus? Sono gli interrogativi che ancora oggi tormentano la scienza, ma proprio la scienza sta per avvicinarsi alla risposta. Il progetto Origin, il lavoro di ricerca promosso dall'Istituto **Mario Negri** per indagare se ci sia una relazione tra la malattia da Covid-

19 e i fattori genetici, prosegue e intravede la conclusione.

Ieri i partecipanti hanno ricevuto un aggiornamento che dà conto di quanto mastodontico sia il lavoro di ricerca: «A giugno 2022 è stata completata la parte di laboratorio dell'analisi

genomica del Dna estratto dai campioni raccolti nei 1.200 partecipanti. Questa analisi è stata fatta mediante una tecnica molto avanzata, in grado di leggere centinaia di migliaia di possibili variazioni sul genoma umano, l'insieme del patrimo-

L'ECO DI BERGAMO

Data: 04.11.2022 Pag.: 1,20
 Size: 445 cm2 AVE: € 7565.00
 Tiratura: 39643
 Diffusione: 33699
 Lettori: 405000



nio genetico che caratterizza ognuno di noi. Sono state valutate circa 870mila varianti di geni che possono essere implicate nell'ingresso del virus nelle cellule umane e nella risposta del nostro sistema immunitario, o varianti di geni che possono influenzare la severità e le complicanze della malattia», spiegano dal [Mario Negri](#). Nei prossimi mesi è attesa la conclusione.

La risposta al quesito dovrebbe essere in quelle 870mila varianti di geni: «Sono ora in corso le analisi per valutare se le variazioni genetiche trovate nel gruppo di pazienti gravi sono significativamente più frequenti rispetto agli altri due gruppi - prosegue la nota dell'istituto di ricerca -. Valuteremo prima di tutto variazioni

che sono state associate, in grandi studi internazionali, a rischio o protezione dalla malattia Covid-19 grave o dall'infezione, entrando poi nello specifico delle variazioni riscontrate nella nostra popolazione di studio. Procederemo quindi a sottomettere il lavoro finale a una rivista scientifica internazionale e sarà nostra cura condividere i risultati finali di questo progetto che ha richiesto un grande impegno da parte di tutta la comunità bergamasca».

Un grande impegno raccontato da altre cifre. Nella prima fase, il [Mario Negri](#) ha esaminato i questionari compilati da 9.733 cittadini residenti nelle aree più colpite dal virus, tra la città e la val Seriana; ad esempio, 1.666 persone vivono a Ber-

gamo, 1.194 ad Alzano, 1.054 a Nembro. Il 64% degli «intervistati» è donna, i questionari riguardano principalmente persone tra i 18 e i 59 anni. Partendo da questa platea il [Mario Negri](#) ha selezionato i 1.200 partecipanti allo studio vero e proprio, che si sono recati al Centro di ricerche cliniche per le malattie rare «Aldo e Cele Daccò» per un colloquio con i medici del centro.

Nel dettaglio, il campione di 1.200 partecipanti era così suddiviso: 400 persone avevano vissuto una forma grave di Covid (insufficienza respiratoria, necessità di ossigeno o ventilazione meccanica), 400 hanno contratto il virus ma senza sintomi o con sintomi lievi, altre 400 persone non hanno contratto il virus; si tratta di gruppi

in cui i soggetti selezionati sono paragonabili per età, sesso e fattori di rischio. Per queste persone è stato effettuato un prelievo per consentire le indagini genetiche, con una tecnica «molto avanzata, in grado di leggere centinaia di migliaia di possibili variazioni sul genoma umano, l'insieme del patrimonio genetico che caratterizza ognuno di noi», aggiungono dal Negri. Dall'analisi dei geni si dovrebbe comprendere perché alcune persone si sono ammalate e perché altre no.

■ I partecipanti allo studio provenienti da Bergamo, Alzano e Nembro: conclusioni nei prossimi mesi



Lo studio mira a verificare correlazioni tra genetica e malattia grave