

Ranica, 3 novembre 2022

Di seguito vogliamo condividere alcuni dati che descrivono la popolazione di Bergamo e Provincia che ha partecipato a questo progetto e che è rappresentativa di un'area geografica particolarmente esposta al virus SARS-CoV-2.

Chi ha aderito al progetto?

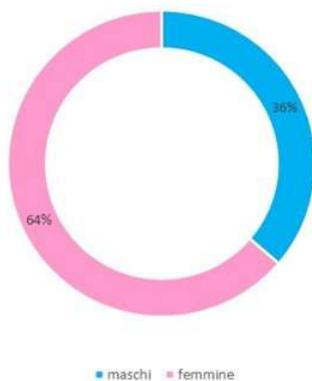
Abbiamo ricevuto 9733 questionari (web o cartacei) compilati dai cittadini con informazioni sulla loro storia clinica e familiare, in particolare riferita alla malattia COVID-19.

La tabella di seguito mostra la lista dei primi 10 Comuni per numero di adesioni:

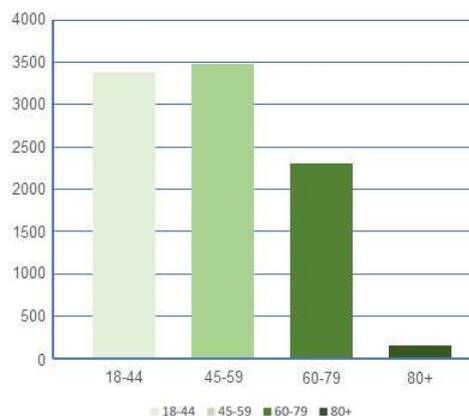
Comune	N° questionari
Bergamo	1666
Alzano Lombardo	1194
Nembro	1054
Albino	716
Villa di Serio	393
Ranica	375
Seriate	240
Gandino	173
Torre Boldone	172
Pradalunga	148

Circa il 64% dei soggetti che ha risposto al questionario (6185 questionari su 9733) è di sesso femminile e le fasce di età maggiormente rappresentate sono comprese tra i 18 e 59 anni.

Adesioni in base al genere (maschi e femmine)



Numero di questionari compilati per classi di età (anni)



Come è stato selezionato il campione per le analisi genetiche?

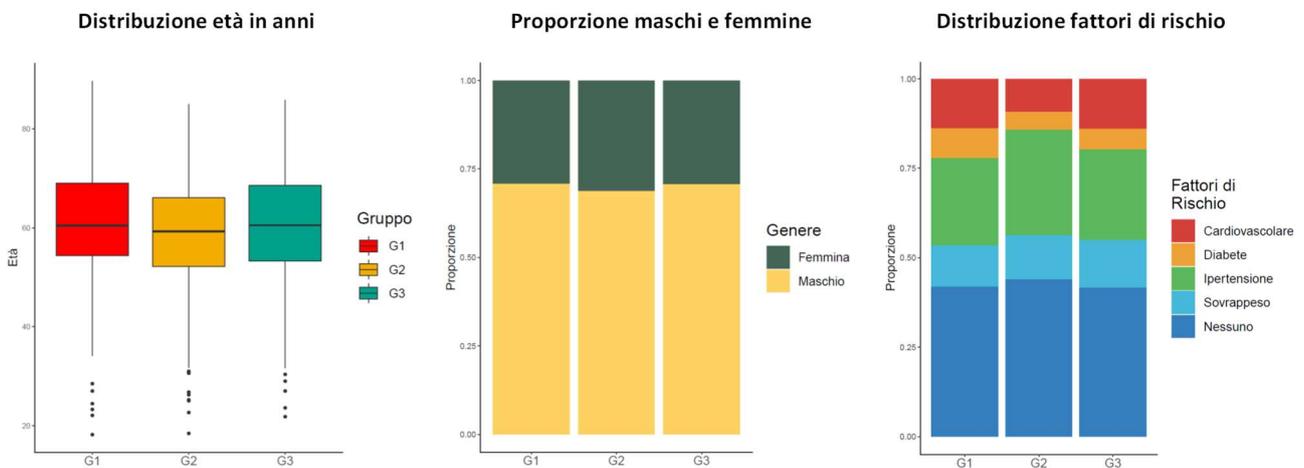
Dai questionari raccolti sono stati selezionati 1200 partecipanti, che si sono recati presso il Centro di Ricerche Cliniche per le Malattie Rare "Aldo e Cele Daccò" per un colloquio con i medici del

Centro, durante il quale sono stati rivisti e implementati i dati contenuti nel questionario e si è effettuato il prelievo per le indagini genetiche.

Di questi 1200 partecipanti:

- 400 hanno avuto una forma grave di COVID-19, cioè hanno sviluppato insufficienza respiratoria con necessità di ossigeno o di ventilazione meccanica
- 400 hanno contratto il virus ma non si sono ammalati o hanno avuto sintomi lievi
- 400 non hanno contratto il virus

Come rappresentato nella seguente figura, i tre gruppi di soggetti selezionati sono paragonabili per età, sesso e fattori di rischio.



Cosa è emerso dalle prime analisi del DNA?

A giugno 2022 è stata completata la parte di laboratorio dell'analisi genomica del DNA estratto dai campioni raccolti nei 1200 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 patrimonio genetico che caratterizza ognuno di noi. Sono state valutate circa 870.000 varianti di geni che possono essere implicati 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.

Quali sono i prossimi passi per la conclusione del progetto?

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. 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 ad una rivista scientifica internazionale e sarà nostra cura condividere con tutti voi i risultati finali di questo progetto che ha richiesto un grande impegno da parte di tutta la comunità bergamasca.

Vi ringraziamo ancora di cuore per la vostra partecipazione e per il vostro impegno.

Un cordiale saluto.

Segreteria progetto ORIGIN