

NEWS

19/2/2010 - STUDIO ITALIANO

E' una questione di geni se si è "sensibili" ai virus

Identificate a Milano varianti geniche che predispongono alle infezioni

MILANO

Una vita sotto il fuoco incrociato dei virus? Il “tallone d’achille” dei malati perenni è nei geni. Un gruppo di scienziati italiani ha infatti identificato alcune varianti geniche che definiscono la predisposizione alle infezioni virali. In totale 139 geni.

Lo studio, frutto della collaborazione tra l’Istituto scientifico Eugenio Medea, l’Istituto Scientifico Don Gnocchi e l’università degli Studi di Milano, è stato pubblicato sulla rivista *PLoS Genetics*.

Sembra che alcune varianti geniche aumentino la suscettibilità alle infezioni virali, mentre altre proteggono. I virus, dunque, hanno contribuito a modellare la variabilità genetica umana. I ricercatori sono arrivati a queste conclusioni dopo aver analizzato «più di 600 mila varianti genetiche di 52 popolazioni umane».



Durante il corso della storia le popolazioni umane hanno subito la minaccia dei virus che ancora oggi in tutto il mondo sono causa di malattia e di morte, spiegano gli esperti. «L’identificazione di varianti geniche che modificano la predisposizione alle infezioni virali o la loro severità è fondamentale per lo sviluppo di nuovi approcci terapeutici e di vaccini», spiegano gli autori della ricerca.

«Proprio grazie alla prolungata interazione tra esseri umani e virus, si può ipotizzare che queste varianti siano state sottoposte nel tempo a una forte selezione naturale e che questo processo abbia lasciato tracce tali nel nostro genoma da essere ancor oggi riscontrabili con metodiche di genetica di popolazione».

In particolare, gli autori hanno basato il loro studio sull’idea che le popolazioni che vivono in aree geografiche diverse siano state esposte a carichi virali differenti e, conseguentemente, a pressioni selettive diverse, che hanno contribuito a determinare la frequenza di alcune varianti genetiche.

Gli autori hanno identificato le varianti che mostrano una frequenza più alta proprio nelle popolazioni che abitano regioni dove il carico virale è più alto. Usando questo approccio, sono stati identificati 139 geni umani che modulano la suscettibilità alle infezioni virali. I risultati richiederanno un’accurata validazione sperimentale.