



COMUNICATO STAMPA 42/2021

Varianti: nuovi algoritmi per studiare come nascono e si diffondono

Un team italiano coordinato dall'Istituto di bioimmagini e fisiologia molecolare (Ibfm) del Consiglio nazionale delle ricerche di Segrate ha pubblicato due studi, su Patterns e iScience, che presentano un importante avanzamento nella comprensione dell'evoluzione del virus SARS-CoV-2 e dei meccanismi che portano alla generazione di nuove varianti virali

Nella lotta al virus SARS-CoV-2, un fattore chiave consiste nell'identificare tempestivamente le varianti del virus: quando una persona è colpita dal Covid-19 viene, infatti, contagiata da un numero elevato di particelle virali che presentano piccole differenze nella propria sequenza genomica – le *varianti* – che influenzano la capacità del virus SARS-CoV-2 di adattarsi e diffondersi.

Identificare quante e quali varianti sono effettivamente presenti in ogni persona affetta da Covid-19 è possibile grazie ad esperimenti di sequenziamento, ma come fare a predire su larga scala come le varianti si generano e si diffondono nella popolazione?

La risposta in due algoritmi sviluppati da un team italiano coordinato da Alex Graudenzi dell'Istituto di bioimmagini e fisiologia molecolare (Ibfm) del Consiglio nazionale delle ricerche di Segrate (Milano), Marco Antoniotti del Dipartimento di informatica, Sistemistica e Comunicazione dell'Università di Milano-Bicocca e Rocco Piazza del Dipartimento di medicina e chirurgia dello stesso ateneo. Il team ha sviluppato e rilasciato due algoritmi che permettono di prevedere la generazione di nuove varianti e la loro evoluzione nel tempo. Le due metodologie sono descritte, rispettivamente, sulle riviste di data science *Patterns* e *iScience*.

“Il primo metodo, chiamato VERSO (Viral Evolution ReconStructiOn) permette di ricostruire la storia evolutiva del patogeno, di trovare collegamenti epidemiologici tra due persone infette, ossia un potenziale contatto tra due individui, e di intercettare varianti possibilmente pericolose prima che si diffondano nella popolazione”, chiarisce Alex Graudenzi (Cnr-Ibfm). “Sempre a partire da dati di sequenziamento, il secondo metodo permette invece di quantificare i meccanismi responsabili della generazione di tali varianti. In particolare, questo studio ha dimostrato che alcuni enzimi umani (APOBEC e ADAR) sono responsabili della generazione di specifiche tipologie di mutazione osservate sul genoma virale, mentre l'intensità e la presenza di tali processi mutazionali appare estremamente eterogenea nei pazienti, suggerendo la possibilità che essi possano essere correlati ai differenti decorsi della malattia.”

Gli studi forniscono nuovi importanti strumenti ai ricercatori che nel mondo studiano le sequenze virali per meglio comprendere le proprietà e i mutamenti del virus nel tempo, consentendo di inquadrare tale evoluzione e la comparsa di nuove mutazioni nel contesto di precisi meccanismi molecolari.

Roma, 23 marzo 2021

Ufficio stampa Cnr: Francesca Gorini, francesca.gorini@cnr.it, tel. 329.317.8725; **Responsabile:** Marco Ferrazzoli, marco.ferrazzoli@cnr.it, cell. 333.2796719; **Segreteria:** ufficiostampa@cnr.it, tel. 06.4993.3383 - P.le Aldo Moro 7, Roma

La scheda

Chi: Istituto di bioimmagini e fisiologia molecolare (Ibfm) del Consiglio Nazionale delle Ricerche di Segrate (Milano), Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione dell'Università di Milano-Bicocca e Dipartimento di Medicina e Chirurgia dell'Università di Milano-Bicocca

Che cosa: Articoli "VERSO: a comprehensive framework for the inference of robust phylogenies and the quantification of intra-host genomic diversity of viral samples", *Patterns* (2021), <https://doi.org/10.1016/j.patter.2021.100212> e "Mutational signatures and heterogeneous host response revealed via large-scale characterization of SARS-CoV-2 genomic diversity", *iScience* (2021), <https://doi.org/10.1016/j.isci.2021.102116>

Per informazioni: Alex Graudenzi Istituto di bioimmagini e fisiologia molecolare (Cnr-Ibfm), e-mail: alex.graudenzi@ibfm.cnr.it, tel. 02.21717551.

Seguici su



Ufficio stampa Cnr: Francesca Gorini, francesca.gorini@cnr.it, tel. 329.317.8725; **Responsabile:** Marco Ferrazzoli, marco.ferrazzoli@cnr.it, cell. 333.2796719; **Segreteria:** ufficiostampa@cnr.it, tel. 06.4993.3383 - P.le Aldo Moro 7, Roma