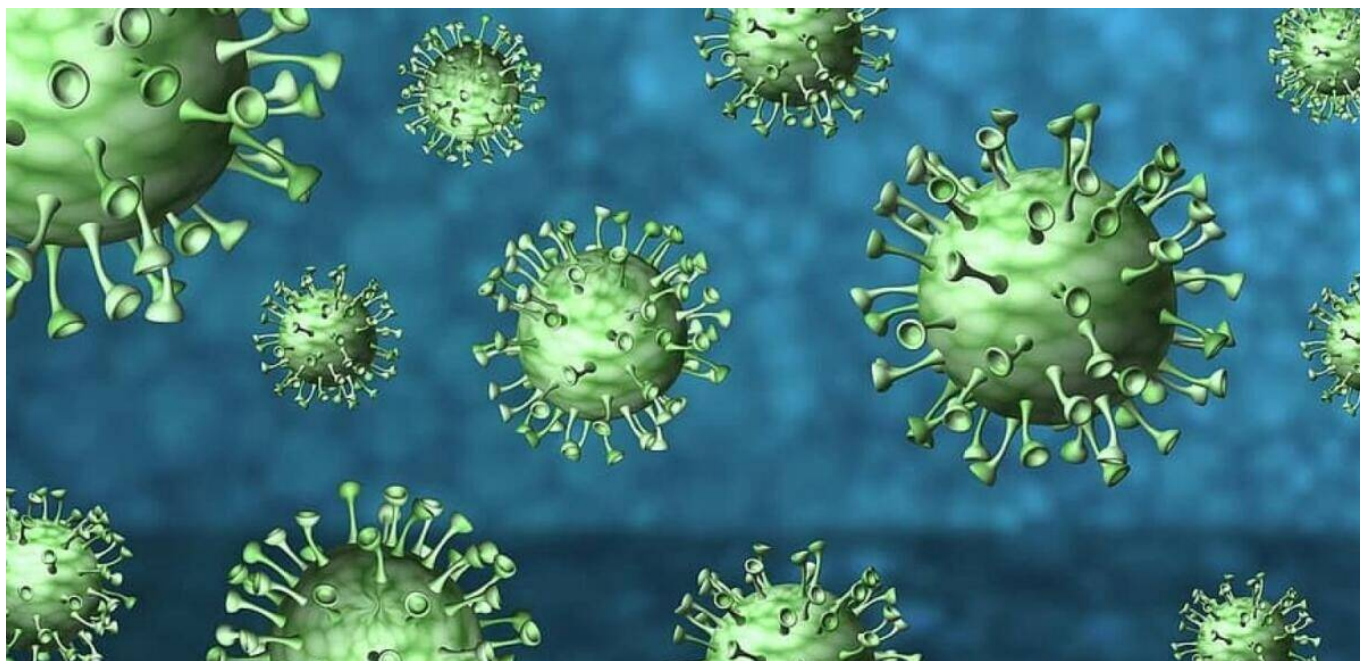


COVID, DALL'ITALIA NUOVO SOFTWARE PER STUDIARE LE VARIANTI

29 Gennaio 2021



MILANO – Sviluppato in Italia un nuovo software per facilitare lo studio delle varianti del virus SarsCoV2: lo strumento, accessibile a tutta la comunità scientifica, si chiama CorGAT (Coronavirus Genome Analysis Tool) e permette di confrontare le sequenze genomiche di uno o più virus in pochi secondi, identificando le differenze e predicendone le possibili conseguenze sull'attività del virus.

Il risultato, che potrebbe avere implicazioni per lo sviluppo di terapie e vaccini, è pubblicato sulla rivista Bioinformatics dai ricercatori dell'Istituto di biomembrane, bioenergetica e biotecnologie molecolari del Consiglio nazionale delle ricerche (Cnr-Ibiom) di Bari, dell'Università Aldo Moro di Bari e del Dipartimento di bioscienze dell'Università Statale di Milano.

“CorGAT consente di confrontare le sequenze di uno o più virus in pochi secondi ed esegue in maniera rapida e veloce l'annotazione funzionale del genoma di SarsCoV2, un processo che è in grado di identificare le principali differenze tra i genomi di diversi ceppi del virus e di predirne le possibili implicazioni funzionali”, afferma Graziano Pesole del Cnr-Ibiom. Applicando CorGAT a più di 50.000 sequenze genomiche, i ricercatori sono stati in grado di delineare le dinamiche evolutive di SarsCoV2 e di individuare le regioni del genoma che accumulano più mutazioni.

“La parte più variabile del genoma di SarsCoV2 è associata a un elemento di struttura secondaria noto come s2m, che in questo coronavirus sembra avere una struttura meno efficiente e definita rispetto a quella osservata in altri virus dello stesso tipo”, continua Pesole.

“Benché le implicazioni funzionali di queste osservazioni non siano completamente chiare, è indubbio che l'applicazione su larga scala di CorGAT e di strumenti simili faciliterà lo studio dei possibili effetti delle nuove varianti nel genoma di SarsCoV2, contribuendo indirettamente anche alla progettazione di farmaci e vaccini”.