



*Publicato sugli Scientific Reports di Nature uno studio a cui ha partecipato l'Istituto per le applicazioni del calcolo del Cnr, in collaborazione con colleghi indiani e americani, che propone un vaccino per il Covid-19 sulla base di metodi bioinformatici combinati con la modellistica matematico-statistica. Tale utilizzo ha permesso di trovare porzioni della molecola glicoproteina S del coronavirus capaci di scatenare una risposta immunitaria stabile*



Roma,

22 luglio 2020 - Tra i principali filoni di ricerca attivati dalla comunità scientifica in seguito allo scoppio della pandemia da coronavirus SARS-CoV-2, per comprendere le dinamiche del contagio, cercare di limitarlo e trovare una cura efficace, fondamentali sono gli studi epidemiologici, per seguire e possibilmente anticipare l'andamento, quelli medici per capire la relazione tra agente patogeno e organismo ospite, l'analisi biologica per capire i meccanismi molecolari e cellulari del virus e bloccarne la replicazione, la ricerca chimico-farmaceutica per ideare e testare vaccini capaci di stimolare una risposta immunitaria

efficace, durevole e sicura.

Oltre

a questi metodi di indagine tradizionali, da qualche anno, si può fare affidamento su metodi di ricerca e sviluppo di vaccini basati sull'utilizzo di tecniche matematico-statistiche e computazionali, frutto della ricerca applicata in quest'ambito.

Nello

specifico, i ricercatori dell'Istituto delle applicazioni del calcolo del Consiglio nazionale delle ricerche di Roma (Cnr-Iac), in collaborazione con il gruppo di bioinformatica dell'Università di Bangalore (India) e della Chicago Medical School di Chicago (Usa) hanno progettato al computer un vaccino detto "multi-epitopo". Lo studio è pubblicato su *Scientific Reports* di *Nature*.

“Lo

studio sviluppato in questa ricerca è stato effettuato completamente in silico, ovvero con l'ausilio del computer, usando la glicoproteina S di SARS-CoV-2 come potenziale target della risposta immunitaria - spiega Filippo Castiglione di Cnr-Iac, coautore dello studio - La glicoproteina S del SARS-CoV-2 è preposta a mediare l'ingresso del virus nella cellula ospite ed è uno dei determinanti antigenici più importanti: stimolando il sistema immunitario a reagire in maniera specifica contro questa molecola è infatti possibile ipotizzare la definizione di un vaccino capace di indurre un'efficace produzione di anticorpi e cellule citotossiche in grado di eliminare il virus”.

La

qualità complessiva del vaccino progettato, validata in silico, e la simulazione della dinamica molecolare ne hanno confermato la stabilità. “Trovare porzioni della molecola glicoproteina S del coronavirus che risultino immunogeniche, ovvero capaci di scatenare una risposta immunitaria è importante perché costituiscono gli ingredienti principali nella definizione di un vaccino. Inoltre gli studi di docking, ossia l'interazione chimico-fisica a livello molecolare, hanno rivelato interazioni stabili del vaccino con i recettori del sistema immunitario dell'organismo ospite - prosegue il ricercatore - L'efficienza del vaccino candidato per innescare una risposta immunitaria efficace è stata valutata mediante il sistema di simulazione della risposta immunitaria C-IMMSIM, sviluppato da ricercatori del Cnr”.

“Lo

studio dimostra come le applicazioni di metodi in silico possano essere usate nell'ambito della fase preclinica del vaccine design con costi estremamente contenuti in termini di tempo, denaro e modelli animali lasciando la valutazione della sicurezza alle fasi successive dello sviluppo del vaccino”, conclude il direttore dell’Istituto, Roberto Natalini.