



*Uno studio condotto dall'Istituto di biomembrane, bioenergetica e biotecnologie molecolari del Cnr di Bari, assieme all'Università degli Studi di Bari e all'Università Statale di Milano, ha permesso di realizzare un applicativo per facilitare l'analisi del genoma del coronavirus. La piattaforma, accessibile senza alcun tipo di vincolo o restrizione, rappresenta un utile strumento per capire i possibili effetti funzionali delle "varianti" del genoma del virus, con potenziali implicazioni anche per lo sviluppo di terapie e vaccini. Il metodo è stato pubblicato su *Bioinformatics**



Roma, 29 gennaio 2021 - Un team di 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 ha recentemente sviluppato un nuovo strumento software per facilitare l'analisi del genoma del coronavirus SARS-CoV-2, l'agente patogeno che causa il COVID-19. Lo studio è stato pubblicato sulla rivista *Bioinformatics*.

Durante la pandemia sono stati sequenziati e resi disponibili più di 400 mila sequenze genomiche appartenenti a differenti ceppi del patogeno isolati in diverse regioni del mondo. L'analisi di questa mole di dati ha richiesto lo sviluppo di nuovi strumenti e metodi informatici dedicati. Per contribuire a rispondere a queste esigenze, gli autori dello studio hanno sviluppato CorGAT (Coronavirus Genome

Analysis Tool), uno strumento dotato di un'interfaccia web che ne facilita l'utilizzo e accessibile a tutta la comunità scientifica.

“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 SARS-CoV-2, 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 - Lo strumento è stato sviluppato per incorporare la maggiore quantità di informazioni possibile e integra una serie di risorse e sistemi originali per l'annotazione del genoma. Allo stato attuale CorGAT è probabilmente il più aggiornato e accurato sistema per eseguire questo tipo di analisi”.

Applicando CorGAT a più di 50.000 sequenze genomiche, gli autori dello studio sono stati in grado di delineare le dinamiche evolutive di SARS-CoV-2 e di individuare le regioni del genoma che accumulano più mutazioni. “La parte più variabile del genoma di SARS-CoV-2 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 SARS-CoV-2, contribuendo indirettamente anche alla progettazione di farmaci e vaccini”.

La rapida identificazione di ceppi virali emergenti o di varianti genetiche potenzialmente associate a nuove caratteristiche è uno degli obiettivi più importanti della “sorveglianza genomica”: lo studio del genoma dei patogeni, e si applica, ad esempio, per l'identificazione e caratterizzazione delle cosiddette “nuove varianti del virus”, venute recentemente alla ribalta. “La sorveglianza genomica rappresenta una delle prime linee di difesa per il controllo della diffusione dei patogeni umani ed è una risorsa fondamentale per lo sviluppo di terapie e vaccini”, conclude il ricercatore Cnr-Ibiom.

CorGAT è liberamente accessibile al seguente link: <http://corgat.cloud.ba.infn.it/galaxy> e viene aggiornato costantemente, per offrire informazioni sempre più accurate e precise. Lo strumento è stato realizzato con il supporto della piattaforma cloud Laniakea, resa disponibile dalla Compute Platform del nodo italiano dell'Infrastruttura di ricerca europea ELIXIR per le Scienze della vita, coordinata dal Cnr sotto la responsabilità di Pesole.

Hanno partecipato alla ricerca:

- per Cnr-Ibiom: Graziano Pesole, Matteo Chiara, Federico Zambelli, David S. Horner, Marco Antonio Tangaro
- per il Dipartimento di Bioscienze dell'Università degli Studi di Milano: Matteo Chiara, Federico Zambelli, David S. Horner e Pietro Mandreoli
- per Università degli Studi di Bari: Graziano Pesole