



## Un nuovo software per l'analisi genomica del SARS-CoV-2

**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***

Milano, 29 gennaio 2020. 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.



# UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

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 <https://laniakea-elixir-it.github.io/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

*Ufficio Stampa Università Statale di Milano*  
*Anna Cavagna - Glenda Mereghetti – Chiara Vimercati*  
*tel. 02.5031.2983 – 2025 - 2982*  
[ufficiostampa@unimi.it](mailto:ufficiostampa@unimi.it)