

10. RICERCA: Genetica, da Sardegna studio individua gene sclerosi multipla

Dall'Italia un passo avanti verso la conoscenza della sclerosi multipla: i ricercatori dell'Istituto di neurogenetica e neurofarmacologia (Inn) del Consiglio nazionale delle ricerche (Cnr) hanno identificato una variazione del Dna che predispone alla malattia. Il consorzio di ricerca sardo ha coinvolto anche le Università di Cagliari e Sassari, le aziende ospedaliere di Cagliari, Sassari e Ozieri, e il Centro di Ricerca Sviluppo e Studi Superiori in Sardegna (CRS4), e la ricerca è stata pubblicata sulla rivista Nature Genetics. I ricercatori, analizzando oltre sei milioni di marcatori genetici, hanno scoperto che una variazione del gene 'Cblb', aumenta il rischio di sviluppare la sclerosi multipla, malattia causata dal processo auto-distruttivo con cui il nostro sistema immunitario aggredisce la mielina, la guaina isolante fondamentale per la conduzione dell'impulso nervoso e per il funzionamento delle cellule del sistema nervoso centrale. "Questo gene produce una proteina dotata di molteplici funzioni", spiega Francesco Cucca, direttore dell'Inn-Cnr, tra cui "l'attivazione del recettore dei linfociti", cellule che hanno un ruolo chiave nel regolare le risposte immuni. "I nostri risultati sono coerenti con studi genetici su modelli animali - prosegue Cucca, spiegando che - nel topo, l'assenza di questo gene, indotta sperimentalmente, causa una malattia simile alla sclerosi multipla". La ricerca rientra nello studio di associazione dell'intero genoma 'Gwas-Genome wide association study', condotto su 883 pazienti e 872 volontari sani, tutti sardi. E "i dati provenienti da questo studio preliminare - aggiunge Giulio Rosati, dell'Università di Sassari - sono importanti per capire meglio i meccanismi alla base della malattia e per trovare nuovi potenziali bersagli terapeutici, anche se la strada è ancora lunga". "Il progetto - aggiunge Cucca - richiede un lavoro di squadra organizzato, strumenti sofisticati e un centro di supercalcolo all'avanguardia", e questo è "solo l'inizio di un grande progetto che prevede di espandere lo studio su almeno 2000 volontari sani e 2000 pazienti, oltre al sequenziamento dell'intero genoma di centinaia di individui".