

Identificazione dei target terapeutici e riproposizione di farmaci esistenti contro Covid-19

28 Gennaio 2021

La network medicine coniuga l'utilizzo delle reti e della biologia di sistema al fine di scoprire schemi comuni nelle malattie che permettano di comprenderne la biologia e proporre nuovi farmaci

Manlio De Domenico, Giulia Bertagnolli, Arsham Ghavasieh ([FBK CoMuNeLab](#)) e Giuseppe Jurmann ([FBK DSH Unit](#)) sono coautori dell'articolo "CovMulNet19: proteomi, malattie, sintomi e trattamenti in una rete integrata. Un approccio di medicina sistemica e scienza delle reti a Covid19" pubblicato in "[Network and systems medicine](#)"

Dalla comparsa della Covid19, la malattia provocata dal virus SARS-Cov-2, la comunità di ricerca di tutto il mondo ha gareggiato per sviluppare trattamenti o reindirizzare i farmaci esistenti per questa nuova sfida.

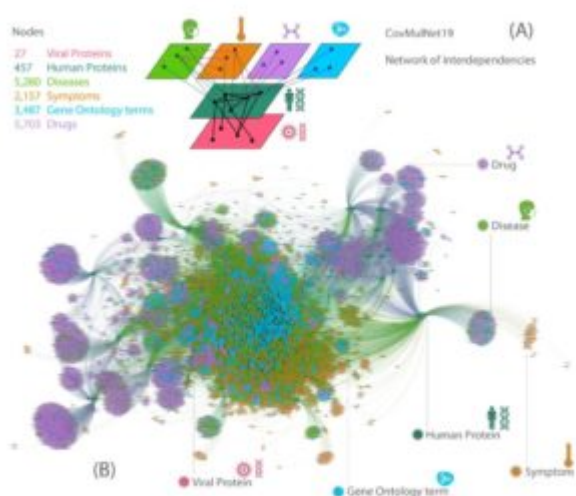
Ora ci vengono incontro vaccini efficaci, ma una migliore comprensione di questa malattia migliorerebbe il trattamento dei pazienti che continuano a soccombere mentre viene affrontata la sfida logistica della vaccinazione a livello mondiale.

L'approccio del team di ricerca autore dello studio propone quindi l'uso della **network medicine (medicina sistemica) per scoprire i processi biologici colpiti da questa malattia combinando informazioni da più database pubblici che raccolgono informazioni sulle interazioni tra proteine e farmaci, nonché sui sintomi di altre malattie.**

Nello studio si presenta **CovMulNet19, un'esauriente rete COVID-19 contenente tutte le interazioni conosciute disponibili che coinvolgono le proteine del virus SARS-CoV-2, proteine umane interagenti, malattie correlate, sintomi e farmaci che possono potenzialmente bersagliarli.** I ricercatori hanno utilizzato una vasta gamma di **metodi di**

analisi di rete per dare la priorità a un elenco di malattie che mostrano un'elevata somiglianza con COVID-19 e un elenco di farmaci che potrebbero essere potenzialmente utili per il trattamento dei pazienti. Tra le malattie che maggiormente assomigliano alla COVID-19, troviamo alcune delle patologie che sono state segnalate quali fattori di rischio per i pazienti di sviluppare forme gravi di COVID-19, comprese malattie intestinali, epatiche e neurologiche, nonché altre malattie dell'apparato respiratorio.

Il database CovMulNet19 può essere utilizzato quale **strumento prezioso per esplorare le opzioni di riproposizione di farmaci esistenti ma anche per comprendere meglio la sintomatologia di COVID-19**, soprattutto nelle forme prolungate. L'approccio di rete tiene conto e studia l'intreccio di relazioni tra interazioni molecolari, malattie e sintomi di questa e di tutte le altre malattie.



Giuseppe Jurman, FBK: *“Il team FBK, formato da **Manlio De Domenico, Giulia Bertagnoli** e **Arsham Ghavasieh (CoMuNeLab)** e **Giuseppe Jurman (DSH)** ha raccolto in un primo momento le fonti di dati pubblicati disponibili, le ha elaborate e le ha uniformate costruendo un nuovo database unificato di molecole/composti, proteine bersaglio e principi farmacologici. Questo database è stato successivamente analizzato con complesse tecniche di rete per identificare tutte le possibili interazioni tra proteine, sintomi e malattie simili al fine di redigere un elenco di farmaci potenzialmente candidati da utilizzare come trattamenti per la Covid-19.”*

Leggi la pubblicazione completa:

[Netw Syst Med](#). 17 novembre 2020; 3 (1): 130-141.doi: 10.1089 / nsm.2020.0011. eCollection 2020.

CovMulNet19, Integrazione di proteine, malattie, farmaci e sintomi: un approccio medico di rete a COVID-19

Nina Verstraete, Giuseppe Jurman, Giulia Bertagnolli, Arsham Ghavasieh, Vera Pancaldi, Manlio De Domenico.

Fonte: Comunicato stampa di Inserm – Centro di ricerca sul cancro di Tolosa (F)

LINK

<https://magazine.fbk.eu/it/news/identificazione-dei-target-terapeutici-e-riproposizione-di-farmaci-esistenti-contro-covid-19/>

TAG

- #complex networks
- #Covid-19
- #digitalhealthwellbeing
- #digitalsociety
- #salutedigitalebenessere
- #societàdigitale

AUTORI

- Redazione interna