



SEGUICI SU:



PRIMO PIANO



ARTICOLO PRECEDENTE

Insiediato Gruppo di lavoro in Bioetica.  
Posizioni condivise da SIAARTI e  
FNOMCEO

## Sars-CoV-2, processi cellulari 'hackerano' il codice genetico del virus grazie all'editing dell'RNA

DI INSALUTENEWS.IT · 19 MAGGIO 2020

UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
FIRENZE

Uno studio dell'Istituto di fisiologia clinica del Cnr e dell'Ispro, in collaborazione con l'Università di Firenze, pubblicato su *Science Advances*, ha messo in evidenza l'attivazione di uno dei meccanismi dell'immunità innata contro il virus



Difendiamoci dal male che avanza  
di Nicoletta Cocco

SESSUOLOGIA



Roma, 19 maggio 2020 – Pubblicato su *Science Advances* uno studio condotto dal gruppo coordinato da Silvo Conticello, dell'Istituto di fisiologia clinica del Consiglio nazionale delle ricerche di Pisa (Cnr-Irc) e dell'Istituto per lo studio, la prevenzione e la rete oncologica (Ispro), in collaborazione con Giorgio Mattiuz dell'Università di Firenze, mostra come i nostri processi cellulari



Zampilli di piacere: lo squirting, 'istruzioni per l'uso'

di Marco Rossi



Aderiamo allo standard HONcode per l'affidabilità dell'informazione medica.

Verifica qui.

COVID-19, ASPETTANDO LA CURA. UN VIDEO SPIEGA COME FUNZIONA IL VACCINO CONTRO IL VIRUS



COMUNICATI STAMPA



Insediato Gruppo di lavoro in Bioetica. Posizioni condivise da SIAARTI e FNOMCEO

19 MAG, 2020



Fase 2 Covid: nuovi scenari, cambiano le nostre abitudini. Vademecum degli Psicologi per genitori e figli

19 MAG, 2020

siano in grado di "hackerare" il codice genetico del Sars-CoV-2 mediante un processo noto come "editing" dell'RNA.

"Di quest'ultimo sono responsabili gli ADAR e gli APOBEC, un gruppo di enzimi con ruoli fisiologici che spaziano dai processi dell'immunità all'aumento dell'eterogeneità all'interno delle cellule – spiega Silvo Conticello – Gli ADAR e gli APOBEC convertono due dei quattro componenti dell'RNA – le adenine e le citosine – in inosine e uracili, causando alterazioni genetiche. Purtroppo, le mutazioni indotte non sempre riescono a danneggiare il genoma virale e possono anzi contribuire all'evoluzione del virus. I fattori fisiologici che influenzano l'efficacia dell'editing possono rappresentare una delle variabili che determinano la risposta individuale al virus e il loro studio potrebbe fornire indicazioni su fattori di rischio e prognostici".

Nello studio, il sequenziamento dell'RNA del virus, ossia la tecnica usata per calcolare la sequenza dei genomi virali, è stato sfruttato per la prima volta per identificare mutazioni a bassa frequenza, operate dagli enzimi per tentare di attuare il meccanismo di difesa.

"Anche se il solo editing dell'RNA non è in grado di contrastare l'infezione, averlo individuato mette in evidenza il tallone d'Achille del virus. E lo sviluppo di strumenti in grado di migliorare l'efficienza di quel processo potrebbe gettare le basi per terapie precoci, con un approccio valido non solo contro il Sars-CoV-2, ma anche contro altri tipi di virus – conclude Conticello – Inoltre, nel breve termine, l'analisi delle mutazioni inserite dagli ADAR e dagli APOBEC può aiutarci a individuare regioni del genoma virale importanti per il suo ciclo vitale: quest'informazione può aiutarci a sviluppare terapie mirate per bloccare la replicazione del virus all'interno della cellula".

