



- ATTUALITÀ
 - CULTURA
 - CLIMA
 - ENERGIA
 - PIANETA ANIMALI
 - OBIETTIVO PARCHI
 - INQUINAMENTO
 - TERRITORIO
 - [Q](#)
- AGRICOLTURA SOSTENIBILE
 - ALTRO
 - TRIMESTRALE
 - E-BOOK
 - ACCEDI

HOME > NEWS > LA SOCIETÀ DELLA CONOSCENZA > COSÌ LE CELLULE «HACKERANO» IL SARS-COV-2

NEWS LA SOCIETÀ DELLA CONOSCENZA

Così le cellule «hackerano» il Sars-CoV-2

Di (Fonte [Cnr](#)) - 19 Maggio 2020

80

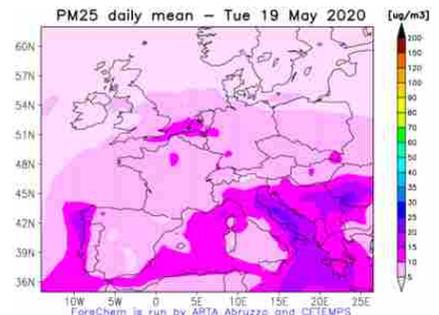
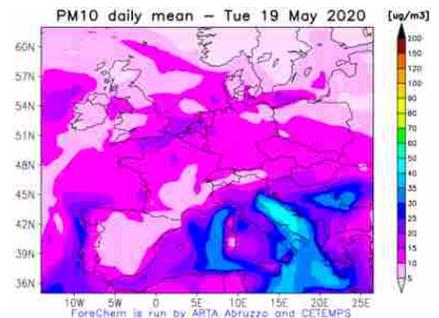
Mi piace 13

Seguici su Facebook



Villaggio Globale Facebook

QUALITÀ DELL'ARIA



Nei grafici superiori, tra le mutazioni nei trascrittomi e nei genomi virali, sono evidenziate le mutazioni dovute agli Adar e agli Apobec, ed il particolare tipo di editing dovuto agli Apobec. Nello schema inferiore è descritto un modello di come potrebbero agire gli Adar e gli Apobec durante la replicazione del virus.

GLI ULTIMI ARTICOLI

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

Publicato 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-Ifc) 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 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».

(Fonte Cnr)

TAGS CNR DNA RNA COVID ADAR APOBEC

Mi piace 13

Articolo precedente

Voli più sicuri in Africa con aiuto italiano

La Società della
Conoscenza

Così le cellule
«hackerano» il Sars-
CoV-2

Attualità

Voli più sicuri in Africa
con aiuto italiano

Opinioni

Quella crescita non fu
virtuosa

Attualità

Con «Luna 27» ci sarà
una trivella italiana