

Villaggio Tecnologico

Zampe Libere

Switch On

Rosso Positivo

GoSalute

Pianeta Salute



Tecnomedicina

Home

Chi siamo ▾

News ▾

Video

InFormaTv

Luoghi della Salute

Capelli Argento

Cellule umane 'hackerano' il Sars-CoV-2 grazie all'editing dell'RNA

Redazione 19 Maggio 2020 Ricerca e università



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 e dell'Istituto per lo studio, la prevenzione e la rete oncologica, 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".

Print PDF

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".

Articoli correlati:

1. [Ulisse BioMed svela come muta il Coronavirus](#)
2. [ISS e Policlinico Militare Celio di Roma hanno sequenziato gli interi genomi del virus SarS-Cov-2 isolati dal paziente cinese e da quello lombardo](#)
3. [SARS-CoV-2: parte il sequenziamento del genoma per ricostruire la rete dei contagi](#)
4. [SARS-CoV-2: quali sono le origini della pandemia del nuovo coronavirus?](#)
5. [Dal pipistrello all'uomo: l'evoluzione del nuovo coronavirus](#)

Search ...

Adatta il carattere

A A A A A A

Traduci



Select Language



Archivio articoli

Seleziona il mese

Attualità

LICE fotografa gli effetti del lockdown sulle persone con epilessia



19 Maggio 2020 13:06

Peggioramento delle crisi epilettiche in circa il 20% dei casi, ...

Fiere ed eventi

"Esperti in classe – Fattore J: per la salute è tempo di empatia"

8 Maggio 2020 13:53



Qual è il rapporto dei giovani con la malattia? Come ...