Villaggio Tecnologico

19-05-2020 Data Pagina

Pianeta Salute

1



Rosso Positivo



Zampe Libere

Home

Chi siamo 🔻

News ▼

Video InFormaTv

Switch On

Luoghi della Salute

Capelli Argento

Foglio

GoSalute

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



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 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

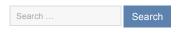
Nello studio, il sequenziamento dell'RNA del virus, ossia la tecnica usata per calcolare la sequenza dei genomi virali, è stato sfruttato per la prima volta per identificare mutazioni a bassa frequenza, operate dagli enzimi per tentare di attuare il meccanismo di difesa. "Anche se il solo editing dell'RNA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

indicazioni su fattori di rischio e prognostici".

- 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



Adatta il carattere

AAAAAA

Traduci





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 ...

ad uso esclusivo del riproducibile. Ritaglio stampa destinatario, non