

Salute H24

NOTIZIE IN ANTEPRIMA E SEMPRE GRATIS

« Test genetici Svizzera: avvio della consultazione per adeguare alcune norme | Principale | CORONAVIRUS, ISOLATO E SEQUENZIATO A FOGGIA IL GENOMA DI DUE VIRUS SARS-COV-2 »

19/05/2020

FREE NEWSLETTER



space. Every morning you will receive the health, medicine, beauty topics ----- INSERISCI LA TUA EMAIL NELLO SPAZIO IN BASSO. RICEVERAI OGNI MATTINA GRATIS LE NOTIZIE DI SALUTE

[Iscriviti a questo sito \(XML\)](#)

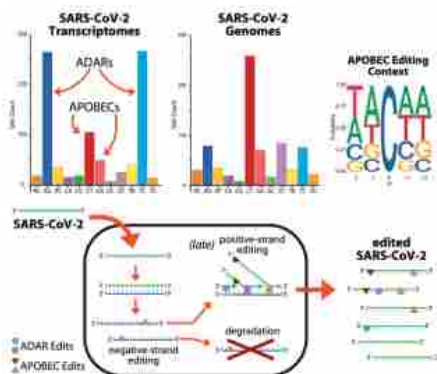
Your email address:

[Get email updates](#)

Powered by [FeedBlitz](#)

 [Subscribe in a reader](#)

Ricerca coronavirus, cellule umane 'hackerano' il Sars-CoV-2 con editing dell' RNA



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.

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-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 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.

Condividi il blog con i tuoi amici



ISCRIVITI AL CANALE GRATUITO
www.telegram.me/salutedomani
Telegram

trusted Journalist



I contenuti hanno un carattere informativo di tipo medico-scientifico e sanitario ma in alcun modo intendono sostituirsi al vostro

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".

info: <http://www.salutedomani.com/results/coronavirus>

Aggiornamenti gratis nel canale Telegram: t.me/salutedomani

Scritto alle 19:21 nella [genetica](#), [MALATTIE INFETTIVE](#), [ricerca](#) | [Permalink](#)

Tag: adar, adenina, apobec, [cnr](#), codice genetico, coronavirus, covid-19, editing, inosien, mattiuz, pnas, rna, sars-cov-2, sequenziamento, uracili

Commenti

Comment below or sign in with  Typepad  Facebook  Twitter and [more...](#)

(Traduzione automatica URL.)

L'indirizzo email non verrà visualizzato insieme al commento.

Ascolta il Podcast.
Abbonati! è gratis