

LA NAZIONE FIRENZE

[CRONACA](#) [SPORT](#) [COSA FARE](#) [EDIZIONI ▾](#) [COVID 19 TOSCANA](#)



HOME , FIRENZE , [CRONACA](#)

Publicato il 19 maggio 2020

Covid, cellule umane "hackerano" il coronavirus e aiutano a trovarne il tallone d'Achille

Lo studio del [Cnr](#) di Pisa in collaborazione con Ispro e Università di Firenze

[f](#) Condividi [t](#) Tweet [✉](#) Invia tramite email



Coronavirus

Firenze, 19 maggio 2020 - Cellule umane 'hackerano' il Sars-CoV-2 grazie all'editing dell'Rna. Uno studio dell'Istituto di fisiologia clinica del [Cnr](#) di Pisa e dell'Ispro, in collaborazione con Giorgio Mattiuz dell'Università di Firenze, pubblicato su **Science Advances**, ha messo in evidenza l'attivazione di uno dei meccanismi dell'immunità innata contro il virus.

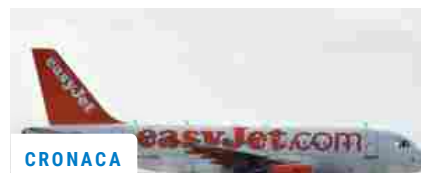
La ricerca, condotta da un gruppo coordinato da **Silvo Conticello**, mostra, spiega una nota, «come i nostri processi cellulari siano» appunto «in grado di 'hackerare' il

POTREBBE INTERESSARTI ANCHE



CRONACA

Bollettino protezione civile sul Coronavirus. I dati del 18 maggio



CRONACA

EasyJet, attacco hacker: "rubati" i dati di 9 milioni di clienti



CRONACA

Fase 2, riapertura per il 90% dei negozi. Ripartenza più lenta per i ristoranti

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 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 - spiega ancora Conticello -, 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. 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».

© Riproduzione riservata



POTREBBE INTERESSARTI ANCHE



CRONACA

Arrestato Capristo, procuratore capo di Taranto



CRONACA

Coronavirus, due giorni prima di Codogno gli esperti europei Ecdc dissero: "Rischio basso"



CRONACA

Coronavirus, seconda ondata: ecco chi rischia di più

LA NAZIONE

ISCRIVITI ALLA NEWSLETTER

RIMANI SEMPRE AGGIORNATO SULLE NOTIZIE DI FIRENZE

Inserisci la tua email

ISCRIVITI

Ti potrebbe interessare

Pubblicità

Pubblicità