

Il tallone d'Achille del Coronavirus: cellule umane lo 'hackerano' tramite uno dei meccanismi dell'immunità innata

Il sequenziamento dell'RNA del virus è stato sfruttato per la prima volta per identificare mutazioni a bassa frequenza, operate dagli enzimi per tentare di attuare il meccanismo di difesa

A cura di Beatrice Raso | 19 Maggio 2020 15:11



Credit: NIAID-RML

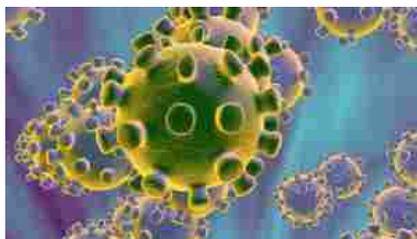
Publicato su *Science Advances* uno studio condotto dal gruppo coordinato da Silvo Conticello, dell'Istituto di fisiologia clinica del [Consiglio nazionale delle ricerche](#) di Pisa ([Cnr-lfc](#)) e dell'Istituto per lo studio, la prevenzione e la rete oncologica (Ispro), in collaborazione con Giorgio 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**, riporta un comunicato stampa del [Cnr](#).



+24H +48H +72H



*“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”.*

