

NOTA DE PRENSA

Los virus encuentran nueva ascendencia familiar

- *Investigadores de Biogune y de las universidades de Oxford y Helsinki proponen una organización de los virus radicalmente diferente a la empleada hasta ahora, en base a su estructura.*
- *La clasificación tradicional de los virus se ha venido haciendo en base al material genético que contienen o al tipo de ‘huéspedes’ a los que infectan.*
- *La nueva organización muestra similitudes significativas entre virus que infectan a organismos tan diferentes como bacterias y seres humanos.*

(Bilbao).- Vivimos rodeados de virus. Y no nos referimos a los que esporádicamente ‘infectan’ nuestros ordenadores. Hablamos de esos agentes infecciosos microscópicos que se multiplican dentro de las células de otros organismos, como pueden ser plantas, bacterias, arqueas o animales, y en estos últimos se incluyen también los seres humanos.

Como botón de muestra, cuando nos bañamos en el mar nos envuelven varios miles de millones de estos agentes microscópicos (hay $\sim 10^7$ virus por mililitro de agua de mar en la superficie). De esa inmensa cantidad de agentes infecciosos conocemos una parte infinitesimal, y de esa pequeña parte aún es menor la porción de los virus cuya estructura tridimensional ha sido descifrada por la comunidad científica.

Investigadores de la Unidad de Biología Estructural de [Biogune](#), en colaboración con otros científicos de las universidades de Oxford y Helsinki, han dado un vuelco a la clasificación habitual de estos agentes provocando una “revolución conceptual”, en palabras de Nicola G.A. Abrescia, Profesor Ikerbasque de Biogune y uno de los investigadores que ha participado en un review publicado por la acreditada revista [Annual Review of Biochemistry](#), una de las revistas con mayor índice de impacto.

Los virus están básicamente compuestos de un genoma (ADN o ARN) y una cápsida, es decir, una estructura de proteínas que envuelve y protege ese material genético; en algunos hay una vesícula lipídica que envuelve esta cápsida y en otros casos la vesícula esta envuelta por la cápsida.

Hasta ahora, los virus se clasificaban atendiendo al material genético que contienen o al tipo de 'huéspedes' a los que infectan, clasificación que cuenta con la aceptación de la comunidad científica internacional. Esa ordenación presenta varios inconvenientes: es compleja, no clasifica todos los virus conocidos y no establece ninguna relación entre virus que afectan a distintos tipos de organismos.

En el estudio realizado, se ha puesto de manifiesto que hay virus que tienen cápsidas con proteínas de formas muy similares incluso aunque infecten a organismos muy diferentes. En las clasificaciones clásicas se consideraba que esos virus no tienen relación alguna entre sí desde la premisa de que no infectan a los mismos tipos de organismos.

Review científico

En este review científico han intervenido, además del Prof. Nicola Abrescia, distinguidos investigadores dedicados al estudio de virus, como el Prof. Dennis Bamford, de la Universidad de Helsinki, el Dr. Jonathan Grimes y el Prof. David Stuart, ambos de la Universidad de Oxford y este último Director de Ciencias de la Vida del sincrotrón Diamond del Reino Unido.

Este equipo científico ha presentado un análisis exhaustivo de los datos que han aportado diferentes investigaciones en las últimas dos décadas, y ha propuesto una novedosa manera de clasificar el universo vírico, radicalmente distinta de las que se ha empleado hasta ahora.

"La publicación de este review en esta revista es un reconocimiento de nuestra propuesta, porque pone de manifiesto el impacto y la relevancia de esta nueva forma de clasificar los virus", valora Abrescia, sobre la dimensión que adquiere el trabajo al haber sido publicado en una revista de reconocido prestigio internacional.

La nueva propuesta

En la nueva propuesta no se tiene en cuenta a qué infecta el virus sino cuál es su identidad, entendiendo como identidad la estructura tridimensional de la proteína que compone la cápsida. Lógicamente, la aportación científica se centra en aquel abanico de virus 'descifrados' por la comunidad científica, es decir, aquellos virus en los que se ha podido identificar la proteína de la cápsida.

De las 82 familias de virus que había propuestas en las clasificaciones anteriores (2008), los investigadores han conseguido agrupar a casi la mitad en cuatro grandes linajes, lo cual supone una importante simplificación de la clasificación de la virosfera al establecer (por el momento) las cuatro grandes familias mencionadas.

"Había una clasificación que era un poco indescifrable, y hemos tratado de racionalizarla. Virus que no estaban aparentemente relacionados, ahora sí lo están a partir de nuestro nuevo planteamiento, y hemos generado cuatro linajes virales, lo cual aporta simplicidad en la visión de la virosfera", dice Abrescia.

Además, el sistema que plantean los investigadores en el Annual Review of Biochemistry permite relacionar desde el punto de vista morfológico virus que antes se consideraban completamente diferentes entre sí en tanto que infectan a organismos muy distintos.

Por ejemplo, se ha observado que en cuanto a la estructura de la cápsida, los adenovirus -que infectan a humanos provocando, por ejemplo, infecciones respiratorias-, son similares a PRD1, que infectan a bacterias. Una similitud también parcialmente detectada entre el virus de herpes y el fago HK97.

Este hallazgo, subraya Abrescia, “podría abrir la puerta a que en el futuro se utilicen estrategias similares contra virus que hasta ahora no se consideraban relacionados entre sí y que, sin embargo, cuentan con estructuras similares”.

Virus ancestrales

Otra implicación derivada de la nueva ordenación es que el hecho de que virus que afectan a dominios de la vida tan distintos (bacterias, animales, etc.) guarden tanto parecido entre sí, indicaría que tienen un origen común, que sería previo a la separación de los seres vivos en distintos órdenes hace miles de millones de años.

En otras palabras: se piensa que todos los seres vivos descendemos de un mismo antepasado común universal (LUCA, por sus siglas en inglés). Este organismo evolucionó en distintas formas, que a su vez dieron origen a los dominios de la vida actual (archaea, bacteria y eucariota). El hecho de que virus que afectan a dominios de la vida tan diferentes como los humanos y las bacterias tengan estructuras de la proteína de la cápsida tan parecidas, supondría que provienen de un puñado de linajes virales ancestrales que es anterior a la separación de los seres vivos en las citadas ramas.

Nicola G.A. Abrescia es Profesor Ikerbasque asociado a la Unidad de Biología Estructural del CIC bioGUNE. Su investigación se centra en el estudio de grandes complejos moleculares como los virus, con particular énfasis en los virus con membrana lipídica (por ejemplo el de la Hepatitis C, o el bacteriófago PRD1), utilizando técnicas de microscopía electrónica y cristalografía de rayos X.

<http://www.cicbiogune.es/secciones/investigacion/miembros.php?idioma=en&miembro=163&unidad=5&subgrupo=51>

Referencias del estudio

Structure Unifies the Viral Universe.

Nicola G.A. Abrescia, Dennis H. Bamford, Jonathan M. Grimes, y David I. Stuart. Annual Review of Biochemistry. Julio de 2012.

<http://www.annualreviews.org/doi/abs/10.1146/annurev-biochem-060910-095130>