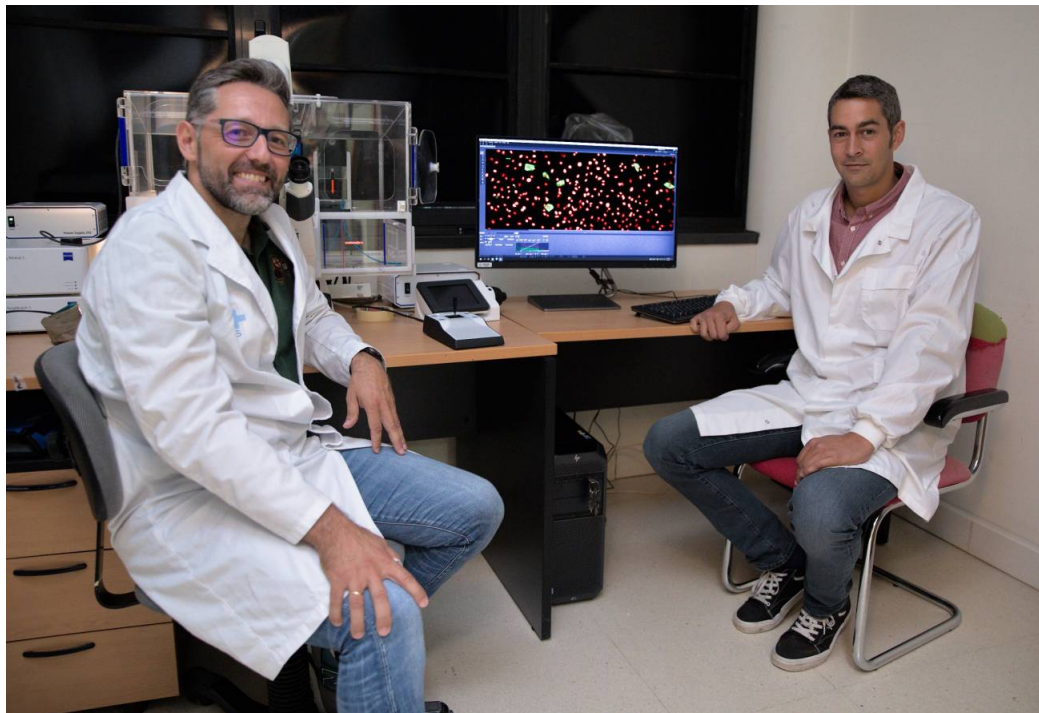


Identifican nuevos genes humanos cruciales para la infección por coronavirus

El equipo, dirigido por el catedrático de la Universidad de Oviedo Carlos López Otín, ha realizado un complejo cribado genético de todo el genoma humano, mediante la tecnología de edición CRISPR Cas9, hasta lograr identificar los genes necesarios para la infección por el SARS-CoV-2.

SINC

22/9/2022 12:22 CEST



De izquierda a derecha, los investigadores Gabriel Bretones y Alejandro Piñeiro, ambos del Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. / Universidad de Oviedo

Un grupo de investigadores de la Universidad de Oviedo ha logrado identificar nuevos genes involucrados en la infección de células respiratorias e intestinales humanas por el virus SARS-CoV-2 causante de la covid-19. Los resultados del trabajo, dirigido por el catedrático **Carlos López Otín**, se han publicado en *The EMBO Journal*.

Alejandro Piñeiro y **Gabriel Bretones**, investigadores del Departamento de Bioquímica y Biología Molecular de la universidad asturiana y autores principales, han realizado en este estudio un complejo **cribado genético** de

todo el genoma humano mediante la tecnología de edición genómica **CRISPR Cas9** hasta lograr identificar los genes necesarios para la infección por el coronavirus.

Este estudio condujo a la identificación, entre otros, de los genes humanos PLAC8 Y SPNS1, codificantes de proteínas implicadas en procesos biológicos como la endocitosis y la autofagia, que pueden contribuir a las infecciones víricas

Para ello, en primer lugar, construyeron mediante ingeniería genética una versión artificial del virus SARS-CoV-2 carente de capacidad de replicación y, por tanto, incapaz de expandirse en el entorno. A continuación, eliminaron en células pulmonares humanas, de forma específica e individualizada, cada uno de los más de 20.000 genes humanos codificantes de proteínas e interrogaron gen a gen la susceptibilidad celular a la infección con el pseudovirus artificial.

Este estudio condujo a la identificación, entre otros, de los genes humanos PLAC8 Y SPNS1, codificantes de proteínas implicadas en procesos biológicos como la endocitosis y la autofagia, que pueden contribuir a las infecciones víricas.

A fin de corroborar estos descubrimientos, los autores contactaron con la entonces directora del Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA-INIA), **Marisa Arias**, para llevar a cabo experimentos con virus SARS-CoV-2 naturales y plenamente infecciosos. Este centro es referencia internacional en el estudio de enfermedades infecciosas y dispone de las instalaciones de alta seguridad biológica imprescindibles para este tipo de trabajos.

Cepa de virus original de la primera ola

Allí los investigadores, con la ayuda del grupo de Enfermedades Emergentes y Transfronterizas confirmaron sus hallazgos previos utilizando una cepa del virus original (CISA/H-Ap20-1) aislada por el propio grupo durante la primera ola de la pandemia.

Piñeiro, primer autor del artículo, señala que “no es el primer estudio de este tipo que se realiza en el mundo, pero nuestro diseño experimental basado en el **empleo de células pulmonares humanas** y complejas técnicas de edición génica nos ha permitido identificar genes esenciales para el proceso infectivo que habían pasado inadvertidos en otros estudios”.

Además, “a diferencia de otros, este trabajo se ha centrado en encontrar genes humanos necesarios para las primeras fases de la infección del virus, antes de que se produzca su replicación en el interior de la célula”, destaca el investigador.

“ *Nuestro trabajo se ha centrado en encontrar genes humanos necesarios para las primeras fases de la infección del virus, antes de que se produzca su replicación en el interior de la célula*

Alejandro Piñeiro, primer autor del estudio

”

Por su parte, Bretones enfatiza que “estos hallazgos permiten comprender mejor el mecanismo de internalización del virus y, por lo tanto, la identificación de nuevas dianas terapéuticas para el tratamiento de la covid-19 y de otras enfermedades causadas por coronavirus que puedan aparecer en el futuro. Ello permitirá el desarrollo de terapias dirigidas para mejorar el tratamiento y ayudar a las vacunas a contener la expansión de la enfermedad”.

Por último, López-Otín destaca que “nuestro laboratorio no se dedica a la virología, pero en estos últimos años hemos desarrollado métodos experimentales muy avanzados para el análisis genómico y funcional del cáncer y del envejecimiento, que ahora hemos podido aplicar al estudio del coronavirus SARS-CoV-2”.

Otín añade que se siente “muy orgulloso de todos los miembros de mi grupo que, por puro **compromiso social**, dejaron sus proyectos particulares entre paréntesis para dedicar su esfuerzo y su talento al estudio de un virus que nos ha mostrado con absoluta nitidez la gran verdad de la vulnerabilidad humana”.

El estudio ha sido financiado por el Instituto de Salud Carlos III (COV20/00652), el Ministerio de Sanidad, el Ministerio de Ciencia e Innovación y la Consejería de Ciencia, Innovación y Universidad del Principado de Asturias.

Referencia:

Alejandro P. Ugalde, Gabriel Bretones, Carlos López-Otín *et al.* "[Autophagy-linked plasma and lysosomal membrane protein PLAC8 is a key host factor for SARS-CoV-2 entry into human cells.](#) *The EMBO Journal* (septiembre, 2022)

Derechos: **Creative Commons.**

TAGS

CORONAVIRUS | COVID-19 | GENES | CRISPR |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)