

IrsiCaixa publica un listado de moléculas del SARS-CoV-2 que permitirá avanzar en el estudio de la inmunidad a largo plazo contra el virus

- Investigadores de IrsiCaixa han analizado secuencias del genoma de 1700 coronavirus SARS-CoV-2 que actualmente circulan por todo el mundo y han definido la primera secuencia consenso del virus, a partir de la cual han podido hacer una lista de 3000 péptidos –pequeños fragmentos de proteínas– que podrían activar la inmunidad a largo plazo contra el virus.
- Se trata de una herramienta que permitirá evaluar la inmunidad celular, es decir, todas las posibles respuestas de las células T contra el virus ya que, a diferencia de estudios anteriores, este listado de moléculas tiene en cuenta el genoma completo del virus y las variantes que más predominan.
- El uso de esta herramienta para estudiar la inmunidad acelerará el proceso de investigación en todo el mundo y permitirá que los resultados entre diferentes laboratorios sean comparables y reproducibles.

Barcelona, 11 de agosto. La emergencia sanitaria ha llevado a la comunidad científica a hacer un gran esfuerzo para poder entender la respuesta inmunitaria contra el virus en tiempo récord, pero todavía hay muchas incógnitas a resolver. Ahora, [un estudio](#) liderado por IrsiCaixa, centro impulsado conjuntamente por la Fundación "la Caixa" y el Departamento de Salud de la Generalitat de Catalunya, y apoyado por la campaña de mecenazgo [#YoMeCorono](#), Grifols y el Instituto de Salud Carlos III describe la primera secuencia genética consenso del SARS-CoV-2, una secuencia representativa del genoma completo de 1700 virus. A partir de esta secuencia han podido hacer una lista de entre 1500 y 3000 péptidos –pequeños fragmentos de proteínas– que sirven para estudiar con un grado máximo de detalle la respuesta inmunitaria de las células T contra el coronavirus.

Este artículo ha sido publicado en formato *Open Access* en la revista *Vaccines*. "Se trata de una herramienta clave para el análisis de la respuesta inmunitaria que permitirá acelerar la investigación y el desarrollo de una vacuna, por eso lo teníamos que hacer accesible a todo el mundo", remarcan los líderes del estudio, [Christian Brander](#) y [Julia G. Prado](#), investigadores principales de IrsiCaixa en el grupo de Inmunidad Celular y Genética del Huésped y en el grupo de Escape Inmunitario y Vacunas, respectivamente.

El sistema inmunitario es el encargado de proteger nuestro cuerpo de patógenos como los virus. Uno de los mecanismos al detectar un virus es la respuesta inmunitaria adquirida, que incluye los conocidos anticuerpos, encargados de neutralizar el virus, y las células T, capaces de identificar y destruir las células de nuestro cuerpo infectadas por el virus. Esta acción de las células T se conoce como inmunidad celular, es persistente en el tiempo y sirve como 'memoria' en futuras infecciones. "Detectar si se ha desencadenado una respuesta inmunitaria celular es complicado, ya que hay que conocer qué partes del coronavirus activan las células T", explica el investigador asociado en IrsiCaixa [Alex Olvera](#), primer autor del artículo junto con el investigador asociado [Marc Noguera-Julian](#). Hasta ahora, los estudios publicados se han centrado o bien en

algunas proteínas virales o bien en secuencias únicas del virus. "No queríamos obviar una parte de la respuesta inmunitaria que parece ser clave en la generación de la memoria inmunológica frente al virus. Es por eso que hemos diseñado esta herramienta, un listado de moléculas que permite tener en cuenta el genoma completo del virus y su capacidad de variación", añade Noguera-Julian.

Miles de péptidos para estudiar la inmunidad celular contra el SARS-CoV-2

Los investigadores han comparado las secuencias completas de 1700 genomas de SARS-CoV-2 circulantes por todo el mundo y disponibles en plataformas online públicas. A través del análisis de todos estos datos han podido definir una secuencia genética representativa del virus, así como obtener un listado de todos los posibles fragmentos de proteínas que puede producir el virus.

"Hemos visto que el SARS-CoV-2 no muta mucho y no es un virus con mucha variabilidad genética, a diferencia por ejemplo del VIH, pero hay que tener en cuenta cuáles son las posibles variantes para poder estudiar la respuesta inmunitaria que se generará frente a cada uno de los virus y no perder ningún detalle", remarca Olvera. Además, han detectado que algunos de los péptidos están muy conservados entre varios virus de la familia coronavirus. "Esto puede ser clave para generar una reacción cruzada, es decir una respuesta inmunitaria capaz de proteger tanto del virus del resfriado común como del SARS-CoV-2", apunta Noguera-Julian.

Una herramienta para acelerar la investigación

Esta herramienta permite a los investigadores de IrsiCaixa estudiar la inmunidad celular contra el SARS-CoV-2. "Queremos entender qué respuesta inmunitaria hay detrás de los individuos que no generan anticuerpos contra el virus y pasan la infección por SARS-CoV-2 con poca sintomatología clínica y qué péptidos son capaces de inducir esta respuesta", comenta G. Prado. Además, "el uso generalizado de esta secuencia consenso en la investigación del sistema inmunitario contra el SARS-CoV-2 asegurará la comparabilidad y reproducibilidad de los resultados entre laboratorios y esto acelerará mucho el proceso de investigación", concluye Brander.

→ *Declaraciones en vídeo del investigador asociado a IrsiCaixa **Alex Olvera**:*
<https://we.tl/t-8SqYcmTkhL>

Más información y entrevistas:

Comunicación IrsiCaixa

Rita Casas | Elena Lapaz

comunicacio@irsicaixa.es | www.irsicaixa.es | [@IrsiCaixa](https://twitter.com/IrsiCaixa)

Departamento de Comunicación de "la Caixa"

Neus Contreras – ncontreras@fundaciolacaixa.org | obrasociallacaixa.org