

IrsiCaixa publica un llistat de molècules del SARS-CoV-2 que permetrà avançar en l'estudi de la immunitat a llarg termini contra el virus

- Investigadors d'IrsiCaixa han analitzat seqüències del genoma de 1700 coronavirus SARS-CoV-2 que actualment circulen per tot el món i han definit la primera seqüència consens del virus, a partir de la qual han pogut fer una llista de 3000 pèptids –petits fragments de proteïnes– que podrien activar la immunitat a llarg termini contra el virus.
- Es tracta d'una eina que permetrà avaluar la immunitat cel·lular, és a dir, totes les possibles respostes de les cèl·lules T contra el virus ja que, a diferència d'estudis anteriors, aquest llistat de molècules té en compte el genoma complet del virus i les variants que més predominen.
- L'ús d'aquesta eina per estudiar la immunitat accelerarà el procés d'investigació a tot el món i permetrà que els resultats entre diferents laboratoris siguin comparables i reproduïbles.

Barcelona, 11 d'agost. L'emergència sanitària ha portat a la comunitat científica a fer un gran esforç per poder entendre la resposta immunitària contra el virus en temps rècord, però encara hi ha moltes incògnites a resoldre. Ara, [un estudi](#) liderat per IrsiCaixa, centre impulsat conjuntament per la Fundació "la Caixa" i el Departament de Salut de la Generalitat de Catalunya, i que ha rebut el suport de la campanya de mecenatge [#JoEmCorono](#), Grifols i l'Institut de Salut Carlos III, descriu la primera seqüència genètica consens del SARS-CoV-2, una seqüència representativa del genoma complet de 1700 virus. A partir d'aquesta seqüència han pogut fer una llista d'entre 1500 i 3000 pèptids –petits fragments de proteïnes– que serveixen per estudiar amb el màxim grau de detall la resposta immunitària de les cèl·lules T contra el coronavirus.

Aquest article ha estat publicat en format *Open Access* a la revista *Vaccines*. "Es tracta d'una eina clau per a l'anàlisi de la resposta immunitària que permetrà accelerar la recerca i el desenvolupament d'una vacuna, per això ho havíem de fer accessible a tothom", remarquen els líders de l'estudi, [Christian Brander](#) i [Julia G. Prado](#), investigadors principals d'IrsiCaixa al grup d'Immunitat Cel·lular i Genètica de l'Hoste i al grup d'Evasió Immunitària i Vacunes, respectivament.

El sistema immunitari és l'encarregat de protegir el nostre cos de patògens com els virus. Un dels mecanismes al detectar un virus és la resposta immunitària adquirida, que inclou els coneguts anticossos, encarregats de neutralitzar el virus, i les cèl·lules T, capaces d'identificar i destruir les cèl·lules del nostre cos infectades pel virus. Aquesta acció de les cèl·lules T es coneix com immunitat cel·lular, és persistent en el temps i serveix com a 'memòria' en futures infeccions. "Detectar si s'ha desencadenat una resposta immunitària cel·lular és complicat, ja que cal conèixer quines parts del coronavirus activen les cèl·lules T", explica l'investigador

associat a IrsiCaixa [Alex Olvera](#), primer autor de l'article juntament amb l'investigador associat [Marc Noguera-Julian](#). Fins ara, els estudis publicats s'han centrat o bé en algunes proteïnes virals o bé en seqüències úniques del virus. "No volíem obviar una part de la resposta immunitària que sembla ser clau en la generació de la memòria immunològica enfront de virus. És per això que hem dissenyat aquesta eina, un llistat de molècules que permet tenir en compte el genoma complet de virus i la seva capacitat de variació", afegeix Noguera-Julian.

Milers de pèptids per estudiar la immunitat cel·lular contra el SARS-CoV-2

Els investigadors han comparat les seqüències completes de 1700 genomes de SARS-CoV-2 circulants per tot el món i disponibles a plataformes online públiques. Mitjançant l'anàlisi de totes aquestes dades han pogut definir una seqüència genètica representativa del virus, així com obtenir un llistat de tots els possibles fragments de proteïnes que pot produir el virus.

"Hem vist que la SARS-CoV-2 no muta molt i no és un virus amb molta variabilitat genètica, a diferència per exemple del VIH, però cal tenir en compte quines són les possibles variants per poder estudiar la resposta immunitària que es generarà davant de cada un dels virus i no perdre cap detall", remarca Olvera. A més, han detectat que alguns dels pèptids estan molt conservats entre diversos virus de la família coronavirus. "Això pot ser clau per generar una reacció creuada, és a dir, una resposta immunitària capaç de protegir tant del virus del refredat comú com del SARS-CoV-2", apunta Noguera-Julian.

Una eina per accelerar la recerca

Aquesta eina permet als investigadors d'IrsiCaixa estudiar la immunitat cel·lular contra el SARS-CoV-2. "Volem entendre quina resposta immunitària hi ha darrere dels individus que no generen anticossos contra el virus i passen la infecció per SARS-CoV-2 amb poca simptomatologia clínica i quins pèptids són capaços d'induir aquesta resposta", comenta G. Prado. A més, "l'ús generalitzat d'aquesta seqüència consens en la recerca del sistema immunitari contra el SARS-CoV-2 assegurarà la comparabilitat i reproductibilitat dels resultats entre laboratoris i això accelerarà molt el procés d'investigació", conclou Brander.

→ *Declaracions en vídeo de l'investigador associat a IrsiCaixa **Alex Olvera**:*
<https://we.tl/t-rIBbxnwplp>

Més informació i entrevistes:

Comunicació IrsiCaixa

Rita Casas | Elena Lapaz

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

Departament de Comunicació de "la Caixa"

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