

SEBBM DIVULGACIÓN

LA CIENCIA AL ALCANCE DE LA MANO

Para los virus, el saber sí ocupa lugar

DOI: https://doi.org/10.18567/sebbmdiv_R.202405

Alejandro Fernández Llorente
Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, Madrid



Biografía

Alejandro Fernández Llorente es Graduado en Bioquímica con Máster en Microbiología por la Universidad Autónoma de Madrid (UAM). Desde el final de su carrera ha trabajado para diferentes laboratorios del Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CBM) y la UAM, centrándose en las áreas de virología, inmunología y biología molecular del cáncer. Actualmente está realizando su tesis doctoral en el CBM en el laboratorio de José María Almendral del Río, donde ha participado en dos Proyectos Nacionales de I+D+i estudiando el virus diminuto de ratón (MVM) y su potencial uso para el tratamiento del cáncer.

Resumen

El solapamiento de genes es una forma de comprimir la información genética y es curiosamente mucho más común en los virus que en el resto de seres vivos. Sin explicación definitiva todavía, posiblemente sea que la cápsida, donde se almacena el genoma viral, ofrezca espacio limitado y obligue a los virus a compactar su material genético.

Summary

Gene overlapping is a way of compressing genetic information and is curiously much more common in viruses than in other living beings. With no definitive explanation yet, it is possible that the capsid, where the viral genome is stored, offers limited space and forces viruses to compact their genetic material.

Todos los seres vivos escondemos una información que nos define. El desarrollo, la apariencia física, el comportamiento... Esa información es única, nos distingue del resto y está recogida en aquello que conocemos como 'genoma'. Dentro del genoma de un organismo se encuentran los genes, unas secuencias de ADN (o ARN en el caso de algunos virus) que, al leerse, contienen una pieza de información sobre nosotros¹.

Si pensáramos en el genoma como una gran biblioteca, los genes podrían ser cada uno de los libros que hay en su interior. Algunas bibliotecas son más grandes y albergan más libros, como el genoma humano y el de algunas plantas, mientras que otras son más pequeñas, como el de las bacterias y los virus. A veces varios libros tienen en común parte de la información que transmiten, y lo mismo sucede con los genes. En ese caso, los genes pueden encontrarse de dos maneras distintas: bien en dos puntos separados del genoma o bien solapando sus secuencias en aquella región que comparten. Como cada gen tiene su propia información, no importa si uno comparte espacio con otro porque van a seguir existiendo y expresándose de la misma forma. Se han encontrado genes que solapan en todo tipo de seres vivos, pero sorprendentemente esto es mucho más frecuente en los virus. ¿Acaso es pura casualidad o puede haber alguna explicación?

Los virus son microbios que infectan células para aprovechar sus recursos, multiplicarse y propagarse. Están formados por su material genético (ADN o ARN) encerrado en una coraza de proteínas llamada 'cápsida'. La cápsida protege el genoma del virus de un ambiente exterior hostil, lleno de peligros, y juega un papel esencial en la infección celular². Una vez el parásito ha entrado dentro de la célula y está listo para multiplicarse, la cápsida se abre y se libera el material genético. Este genoma infeccioso se copiará muchas veces, y cada una de las copias se recubrirá de una nueva cápsida para formar otro virus e infectar más células. Aunque está claro que el solapamiento de genes comprime la información genética y permite ahorrar espacio, durante décadas la comunidad científica ha intentado explicar por qué esto es más común en los virus que en el resto de seres vivos³.

Entre las teorías que se barajan, es posible que comprimir el genoma facilite la multiplicación del patógeno. Mientras el material genético viral se copia dentro de la célula infectada, a veces sufre errores que no se pueden corregir. Es como usar un teclado que escribe una letra incorrecta cada varias líneas. Estos errores son mutaciones que pueden estropear la secuencia genética y hacerla inservible. Por ello, cuanto más corta sea la secuencia de ADN o ARN a copiar es lógico pensar que sufrirá menos mutaciones y se podrán crear más virus viables. Más aún, cuanto más corta es la secuencia menos recursos y tiempo se necesitan para copiarla. Esto es esencial, ya que la infección es una situación decisiva para el virus en donde cada minuto cuenta⁴.

Sin embargo, hay algo que todavía no hemos tenido en cuenta a la hora de pensar en estos microbios: su tamaño. Los virus son, en general, ¡entre 100 y hasta 1000 veces más pequeños que una célula humana común⁵! Dado que son tan pequeños y el espacio es bastante limitado, tienen que compactar su material genético como sea dentro de la cápsida. Por ello, algunos investigadores piensan que es el propio interior de la cápsida el que determina cómo de comprimido debe estar el genoma viral. Si una cápsida es pequeña y el material genético es demasiado grande, este no logrará meterse dentro al completo y no se creará el nuevo virus. Sin embargo, si algunos genes pueden llegar a solapar y ocupar menos espacio, es posible que el genoma sí logre recubrirse por la cápsida y salir de la célula infectada para buscar nuevas células que parasitar³.

La forma de los virus la determinan la cápsida y otras envolturas adicionales que pueda tener. Hay de muchos tipos: filamentos, óvalos, balas... Pero la forma más común es la icosaédrica, una figura geométrica de 20 caras. La cápsida, por su forma y tamaño, posiblemente limite la longitud del genoma viral y se agrande o reduzca en función de si el material genético crece o se acorta. Pero la realidad es que cada cápsida se comporta de diferente manera. Las icosaédricas, por ejemplo, son especialmente poco flexibles para admitir genomas más largos porque su estructura es bastante reacia a cambiar de tamaño. Por ello, se cree que los virus icosaédricos suelen solapar más sus genes que aquellos con otras formas menos rígidas.

Comprimiendo su información genética, logran contener los mismos genes en un menor espacio y así adaptarse al tamaño que ofrece la cápsida⁴. Pero, desafortunadamente, esto todavía no está tan claro como parece... Algunos investigadores defienden que un virus con un genoma mayor que otro no tiene por qué tener necesariamente una cápsida más grande. En base a lo que ya se sabía podría parecer contraintuitivo, pero un estudio demuestra que no hay una relación exacta entre el tamaño de un genoma y el de su respectiva cápsida. Es más, dependiendo del tipo de virus el espacio que ocupa su material genético dentro de la cápsida varía entre el 20% y el 80%³. Es decir, incluso en el caso más drástico su ADN o ARN ni siquiera se acerca a ocupar por completo el interior de la coraza de proteínas; quedaría todavía un 20% del espacio libre. Entonces... ¿verdaderamente la cápsida condiciona el solapamiento de genes en los virus?

Todavía no hay una explicación firme sobre por qué estos bichitos tienen mucho más comprimida su información genética que el resto de seres vivos. Podría ser cierta cualquiera de las teorías anteriores, una mezcla de todas o incluso ninguna... Pero está claro que existe algo que obliga a los virus a reducir sus genomas. Aunque estos seres microscópicos puedan parecer sencillos, en muchas ocasiones demuestran ser tan complejos y llenos de misterios como el ser humano.

Referencias

1. <https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/Genoma>
2. <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Virus>
3. Brandes N, Linial M. Gene overlapping and size constraints in the viral world. *BiolDirect*. 2016 May 21;11:26. doi: 10.1186/s13062-016-0128-3.
4. Chirico N, Vianelli A, Belshaw R. Why genes overlap in viruses. *Proc Biol Sci*. 2010 Dec 22;277(1701):3809-17. doi: 10.1098/rspb.2010.1052.
5. Louten J. Virus Structure and Classification. *Essential Human Virology*. 2016:19–29. doi: 10.1016/B978-0-12-800947-5.00002-8.

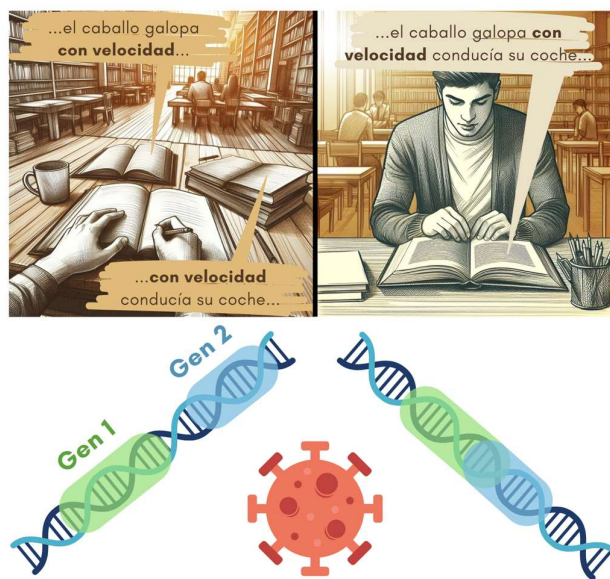


Figura: La imagen fue parcialmente creada con DALL-E 3 y modificada con Canva.