

València, 16 de mayo de 2023

Identifican más de 20.000 nuevos agentes infecciosos de ARN circular

- **Un estudio en el que participa el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (CSIC-UPV) aumenta el catálogo de ARNs circulares de tipo viroidal, los agentes infecciosos más simples**
- **Los resultados, publicados en ‘Nature Communications’, desvelan un nuevo mundo de ARN que permitirá conocer mejor el origen de la vida en nuestro planeta**

Cómo se originó la vida es una de las preguntas clásicas de la humanidad de la que aún se conoce muy poco. Se acepta que hace miles de millones de años, un mundo de ARN dio lugar a los primeros entes auto replicantes formados por moléculas de ARN con una función doble: informativa (equivalente al ADN actual) y catalítica (en forma de ribozimas equivalentes a las enzimas proteicas actuales).

Entre los vestigios que han quedado de aquel mundo de ARN está el ribosoma (la ribozima que decodifica la información genética, clave en todos los seres vivos) o las entidades biológicas más sencillas conocidas, como son los virus de ARN y, sobre todo, los minúsculos agentes subvirales de ARN circular, que confirman que la información genética no solo se perpetúa como ADN.

Hasta la fecha, únicamente conocíamos unas pocas decenas de esos genomas mínimos de ARN circular, muchos con ribozimas, exclusivamente en plantas (viroides y otros ARNs viroidales) y animales (Hepatitis Delta), y que históricamente se relacionaban con los agentes primigenios del mundo de ARN.

Ahora, aprovechando la información genética recolectada a lo largo y ancho del planeta durante las últimas décadas, un equipo internacional de científicos en el que participa el Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universitat Politècnica de València (UPV), ha descubierto más de 20.000 nuevas especies de estos agentes mínimos, incluyendo ejemplos de novedosos ARNs infecciosos gigantes, híbridos de virus de ARN lineal y viroides circulares.

“Aunque aún desconocemos los potenciales huéspedes de la mayoría de ellos, se confirma que estos vestigios del mundo precelular de ARN serían muchísimo más habituales de lo que se pensaba hasta ahora. Mediante aproximaciones moleculares, se ha comprobado que algunos de estos genomas minúsculos de ARN circular se replican

en diversas especies de hongos asociados a plantas y suelo. Estos resultados sugieren que tendríamos en los hongos y otros organismos de tipo fúngico el posible origen evolutivo de los viroides de plantas y los agentes tipo Delta de la hepatitis humana descritos hace más de 40 años”, explica Marcos De la Peña, investigador del CSIC en el IBMCP.

Descubrimiento de un ‘nuevo mundo’

Según destaca De la Peña, el descubrimiento de este nuevo mundo de ARN de genomas circulares mínimos permitirá no solo conocer mejor cómo pudo ser ese mundo de ARN primigenio, sino también descubrir nuevas formas de agentes infecciosos que quizás subsistan en la actualidad replicándose en huéspedes muy sencillos como bacterias, arqueas o protistas, “siendo el origen evolutivo de muchos de los agentes virales y viroidales que hasta ahora solo conocíamos en seres más evolucionados como plantas y animales”.

Junto al IBMCP, también participan en este trabajo el Consejo Nacional de Investigación (Italia); la Universidad de Stanford (EE.UU.); el Instituto Pasteur (Francia) y la Universidad de Toronto (Canadá), entre otros.

Referencia:

Forgia M, Navarro B, Daghino S, Cervera A, Gisel A, Perotto S, Aghayeva DN, Akinyuwa MF, Gobbi E, Zheludev IN, Edgar RC, Chikhi R, Turina M, Babaian A, Di Serio F & De la Peña M. **Hybrids of RNA viruses and viroid-like elements replicate in fungi.** *Nature Communications* 14: 2591. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-023-38301-2>



De izquierda a derecha: Marcos de la Peña Rivero, M.^a José López Galiano, Pedro Serra Alfonso y Amelia Cervera Olagüe, personal investigador del IBMCP.