

Un estudio de la UMH busca lograr agentes virales que eviten la entrada del covid en el organismo

► La investigación demuestra que la molécula de fusión del virus interacciona con los lípidos de la membrana, lo que permitirá lograr su inhibición

RUBÉN MÍGUEZ

■ Un estudio de la Universidad Miguel Hernández (UMH) de Elche está cerca de conseguir obtener agentes virales que impidan la entrada en el organismo del Covid-19. Una revolución permitiría investigar lo que podría permitir inhibir al virus. La fusión de membranas es un proceso fundamental para que un virus entre en las células huésped y logre infectar un organismo, por ello es uno de los principales objetivos de estudio para desarrollar nuevas terapias antivirales para combatir el covid.

El catedrático de Bioquímica y Biología Molecular de la UMH, José Villalaín, ha demostrado, por primera vez, la capacidad del péptido de fusión del virus SARS-CoV-2 de interaccionar de una manera específica con los lípidos de la membrana, lo que abre una nueva puerta para la obtención de agentes virales que inhiban e impidan la entrada del virus en las células del organismo.

Los resultados de este estudio han sido publicados en la revista Membrane. El investigador del

Instituto de Investigación, Desarrollo e Innovación en Biotecnología Sanitaria de Elche (IDI BE) ha demostrado que el péptido de fusión de la proteína S del virus SARS-CoV-2 es capaz de unirse y englobar fosfolípidos negativos de la membrana biológica, mientras que excluye las moléculas de colesterol por completo.

Esta proteína S, como sucede en otros virus que se denominan envueltos, está directamente implicada en el proceso de infección, en primer lugar, por su unión al receptor y, en segundo lugar, por entrar en la célula huésped mediante la fusión de membranas.

Dinámica molecular

La investigación se ha llevado a cabo utilizando dinámica molecular mediante biocomputación de alto rendimiento. Se trata de un proceso de simulación virtual de la interacción entre proteínas que requiere tanta potencia informática que ha de utilizarse un conjunto de ordenadores para llevar a cabo el experimento. Este tipo



Dos sanitarios atienden a pacientes con covid en la UCI de un hospital de la provincia.

HECTOR FUENTES

de simulaciones permite ver cómo se comporta cada átomo que compone las proteínas del virus, con lo que se pueden estudiar en detalle tanto el proceso de infección como un posible tratamiento.

Para ello, se ha empleado el clúster de computación científica de la UMH, un grupo de ordenadores que ha de utilizarse un conjunto de ordenadores para llevar a cabo el experimento. Este tipo

de información y gestionado por el Servicio de Innovación y Planificación Tecnológica.

600 millones de contagios

Desde que el Covid-19 fue declarado pandemia mundial, a principios de 2020, ha causado más de 600 millones de contagios y más de 6 millones de muertos en el mundo. A pesar de que se han implementado nuevas vacunas contra el virus, la pandemia continúa

impactando dramáticamente la salud mundial.

El profesor de la UMH explica que comprender los mecanismos de fusión de membranas, así como las interacciones moleculares entre proteínas y lípidos involucradas en el proceso de infección «llevará, sin lugar a dudas, a poder desarrollar nuevas moléculas antivirales que permitan una batalla más eficiente contra este y otros virus similares».