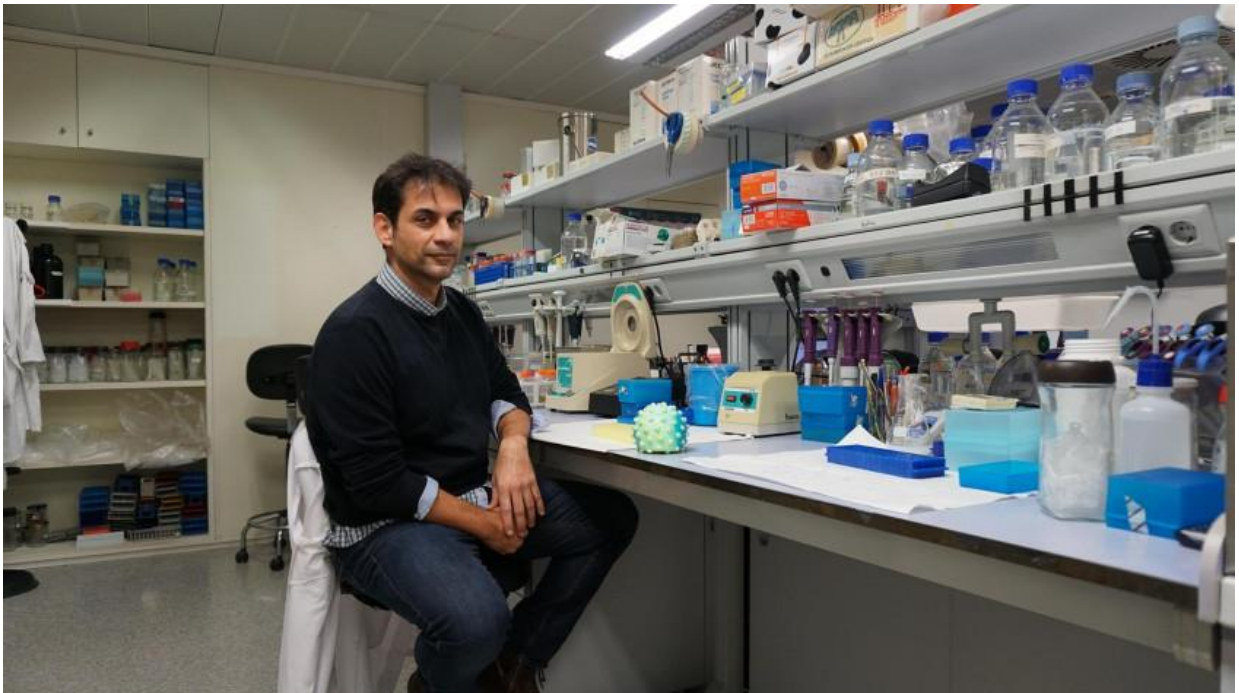


## Descobreixen més de cent mil virus desconeguts mitjançant una nova ferramenta informàtica

L'Institut de Biologia Molecular i Cel·lular de Plantes de València participa en aquesta investigació



Descobreixen més de cent mil virus desconeguts mitjançant una nova ferramenta informàtica

Un equip internacional de científics en què participa l'Institut de Biologia Molecular i Cel·lular de Plantes, centre mixt del CSIC i la Universitat Politècnica de València (UPV), ha descobert més de 130.000 nous virus de RNA, com el coronavirus SARS-CoV-2 que provoca l'actual pandèmia, a través d'una nova ferramenta informàtica amb la qual es van analitzar 5,7 milions de mostres biològiques recollides al llarg del planeta durant els últims 15 anys.

Aquesta troballa, que es publica en la revista *Nature*, suposa un increment de fins a deu vegades el nombre d'espècies virals de RNA descrites fins a hui. «El coneixement de la diversitat viral permetrà revelar els orígens de patògens emergents, així com millorar la vigilància i mitigació de noves pandèmies», ressalta el Consell Superior d'Investigacions Científiques.

En el projecte, l'equip va desenvolupar Serratus, una infraestructura de

computació en el núvol (Amazon Web Services) que, utilitzant un clúster de 22.500 processadors informàtics, va permetre cerques massives de seqüències virals en els milions de *gigabytes* de dades de seqüenciació disponibles en bases de dades públiques.

L'anàlisi detallada de certes famílies virals va permetre el descobriment de més de 30 noves espècies de coronavirus, incloent-hi interessants exemples en vertebrats aquàtics, com ara peixos i amfibis, que els seus coronavirus van presentar un genoma segmentat en dos fragments, una característica descrita en altres famílies de virus però no detectada abans en cap membre dels coronavirus.

En l'Institut de Biologia Molecular i Cel·lular de Plantes de València van fer servir Serratus per a l'anàlisi del virus causant de l'hepatitis D humana, un agent viral anomenat Delta de grandària genòmica mínima i origen desconegut. Açò va permetre a Marcos de la Peña Rivero detectar virus similars en multitud d'altres animals, incloent-hi no solament mamífers i altres vertebrats sinó també invertebrats. «Sorprenentment, aquests virus es van trobar també en mostres mediambientals recollides en llacs i sòls de tot el món, els hostes dels quals serien de moment desconeguts», destaca l'investigador del CSIC.

És més, les mostres mediambientals amb virus similars al de l'hepatitis D van revelar la presència de noves formes virals amb genomes ultracompactes i de grandària ínfima —300 bases, les unitats químiques que formen el material genètic—. Aquest descobriment permet avançar una connexió evolutiva propera entre virus tan distants com l'hepatitis D humana i els agents subvirals de plantes anomenats 'viroides'.

Tant la base de dades de tots els virus obtinguts en aquest treball com [el conjunt de les ferramentes desenvolupades](#) estan disponibles de forma lliure i oberta. Aquesta ferramenta pot ser de gran utilitat per a caracteritzar la diversitat planetària de tots els virus existents i preparar-se davant possibles noves pandèmies, les devastadores conseqüències de les quals patim amb malalties virals emergents com la COVID-19, causada pel coronavirus SARS-CoV-2.

L'IBMCP és l'única institució científica espanyola que participa en aquest treball, on col·laboren l'Institut Heidelberg d'Estudis Teòrics i l'Institut Max Planck de Biologia (Alemanya), l'Institut Pasteur (França), la Universitat de Sant Petersburg (Rússia), la Universitat de Califòrnia, Berkeley (EUA) i la Universitat de British Columbia (el Canadà), entre altres.