



Los microARN alterados por el SARS-CoV-2 permiten establecer firmas genéticas que predicen la gravedad de la COVID-19

- Un artículo publicado en la revista *Emerging microbes and infection* por un equipo del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII revela nuevas evidencias de las alteraciones genéticas causadas por el SARS-CoV-2 y demuestra la validez de los microARNs como predictores tempranos de la gravedad y la mortalidad de la COVID-19.

22 de febrero de 2022. Una publicación liderada por investigadoras del Centro Nacional de Microbiología (CNM) del ISCIII revela que los microARN, pequeñas secuencias de material genético que regulan diversos procesos biológicos, son un biomarcador capaz de predecir la gravedad de la COVID-19. [Los resultados se han publicado en la revista *Emerging Microbes and Infection*.](#)

Las doctoras Amanda Fernández Rodríguez y María Ángeles Jiménez Sousa llevan tiempo coordinando en el CNM un equipo que analiza los mecanismos genéticos que definen la evolución, gravedad y mortalidad de la COVID-19. Gracias al uso de tecnologías de secuenciación genómica han logrado establecer huellas moleculares que aparecen en los inicios de la infección por SARS-CoV-2, y han descubierto que el microARN plasmático se ve alterado por el virus y genera patrones genéticos que predicen la gravedad de la COVID-19.

Los últimos resultados de este proyecto acaban de publicarse en un artículo cuyo primer firmante es el investigador Asier Fernández Pato. El estudio ha analizado los perfiles de microARN y otros posibles biomarcadores de la respuesta inmunitaria en

el plasma de 96 pacientes COVID-19 con distinto grado de gravedad, desde asintomáticos a moderados y graves. El análisis ha permitido comprobar que hay hasta 200 microARN cuya expresión es significativamente distinta en estos 96 pacientes en comparación con el grupo control (personas sanas).

Los microARN confirman así su papel clave en el control de las infecciones virales, ya que las variaciones en su expresión ligadas a la infección pueden ser detectadas incluso antes que el propio virus. La investigación, llevada a cabo en colaboración con diversos hospitales de la Comunidad de Madrid, revela una profunda alteración de la expresión de los microARNs plasmáticos en los pacientes con COVID-19 desde una etapa muy temprana de la enfermedad, lo que ha permitido identificar diferentes firmas específicas de microARNs asociados a cada nivel de gravedad.

Concretamente, el análisis ha permitido observar de forma generalizada una mayor abundancia de microARNs positivamente correlacionados con marcadores proinflamatorios en todos los pacientes infectados por SARS-CoV-2, una firma genética que se ve especialmente en pacientes sintomáticos con una evolución grave de la enfermedad.

Estos resultados han permitido, además, generar un modelo de riesgo predictivo de la mortalidad basado en los perfiles de 10 tipos de microARNs, que demuestra una elevada capacidad para discriminar los diferentes grados de enfermedad. Las autoras explican que esta investigación proporciona nuevas evidencias de la alteración significativa de la expresión génica causada por el SARS-CoV-2, y demuestra la validez de los microARNs como predictores tempranos de la gravedad y la mortalidad de la COVID-19.

MicroARN y otras infecciones

Las infecciones causadas por virus pueden alterar el perfil de expresión de los microARN de las células a las que infectan, provocando la aparición y desarrollo de procesos inflamatorios y patologías autoinmunes; por ello, conocer el funcionamiento de los microARN durante las infecciones puede mejorar el conocimiento de las enfermedades y su manejo clínico. Al respecto, otro equipo del Centro Nacional de Microbiología [ha publicado recientemente dos artículos](#) que ofrecen nuevo conocimiento en torno al papel de los microARN en los casos de coinfección por el virus de la hepatitis C (VHC) y el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH).

- **Referencia del artículo:** *Asier Fernández-Pato, Ana Virseda-Berdices, Salvador Resino, Pablo Ryan, Oscar Martínez-González,*

Felipe Pérez-García, María Martín-Vicente, Daniel Valle-Millares, Oscar Brochado-Kith, Rafael Blancas, Amalia Martínez, Francisco C. Ceballos, Sofía Bartolome-Sánchez, Erick Joan Vidal-Alcántara, David Alonso, Natalia Blanca-López, Ignacio Ramirez Martínez-Acitores, Laura Martín-Pedraza, María Ángeles Jiménez-Sousa & Amanda Fernández-Rodríguez (2022) Plasma miRNA profile at COVID-19 onset predicts severity status and mortality, Emerging Microbes & Infections, DOI: 10.1080/22221751.2022.2038021.



•