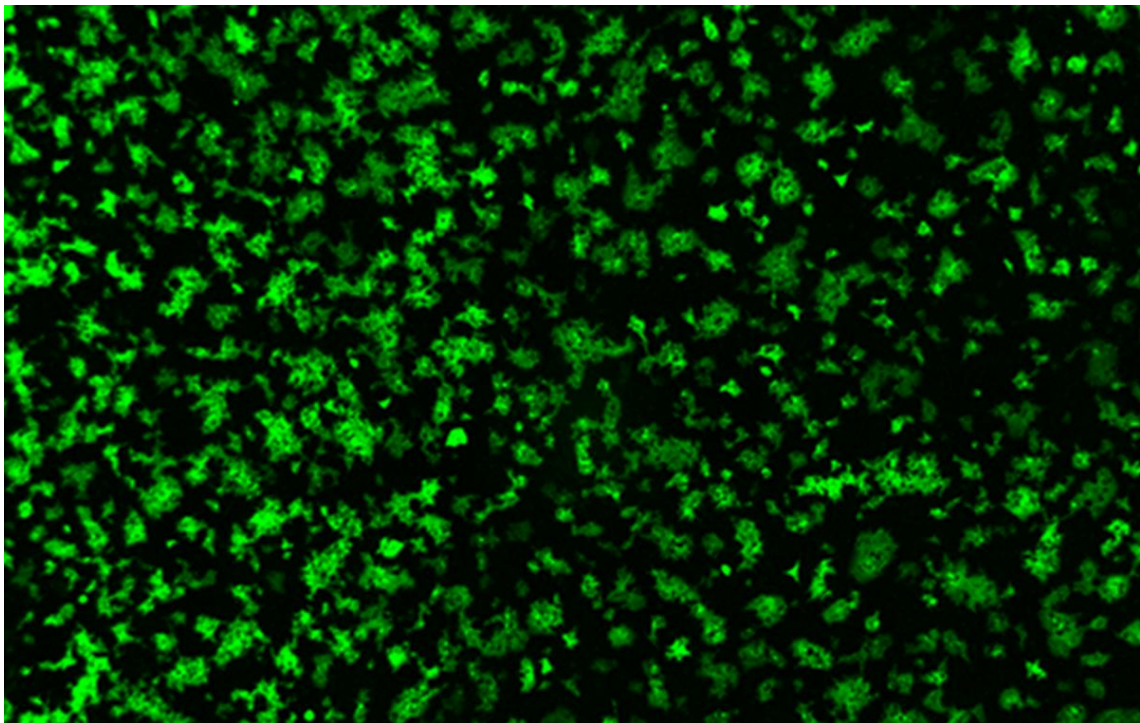


Madrid, jueves, 20 de noviembre de 2025

## Descubren que un coronavirus que infecta a los cerdos utiliza una vía inesperada para entrar en las células

- El Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (CSIC-UV) colidera este estudio que revela el mecanismo de infección de este virus emparentado con los del resfriado humano
- El trabajo, publicado en *Nature Microbiology*, aporta datos sobre la evolución de los coronavirus y su entrada en las células, fundamentales para anticipar y prevenir pandemias



*Imagen de células fusionadas después de expresar la proteína spike del coronavirus porcino PHEV y de su receptor (DPEP1). / Jérémy Dufloo y Rafael Sanjuán.*

Un equipo internacional liderado por el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I<sup>2</sup>SysBio), centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universitat de València (UV), y el Institut Pasteur de París, ha identificado por primera vez un receptor funcional para el virus de la encefalomielitis hemaglutinante porcina, también

llamado coronavirus porcino PHEV. Este virus está emparentado con otros que causan resfriados comunes en humanos. Los resultados, publicados en la revista *Nature Microbiology*, representan un avance clave en la comprensión de los mecanismos de entrada de estos patógenos, así como para entender cómo evolucionan coronavirus como el que provocó la COVID-19.

El coronavirus porcino PHEV pertenece a los embecovirus, un subgrupo que incluye virus humanos, bovinos y porcinos dentro de la gran familia de los coronavirus, donde se encuentra el SARS-CoV-2 que provocó la reciente epidemia mundial. Está muy relacionado con dos virus humanos que causan resfriados comunes: OC43 y HKU1. Aunque se pensaba que estos virus dependían de azúcares como el ácido siálico, que les sirve de punto de anclaje, para entrar en sus células dianas e infectar al organismo huésped, el nuevo estudio demuestra que el coronavirus porcino PHEV puede entrar en las células sin necesidad de estos. En su lugar, utiliza una proteína conocida como DPEP1, que se encuentra en la membrana celular, y sirve como receptor para facilitar su entrada.

Mediante técnicas avanzadas de microscopía electrónica y cristalografía de rayos X, los investigadores han visualizado cómo la proteína *spike* del virus, la 'llave' que utilizan los coronavirus como el SARS-CoV-2 para entrar en nuestras células e iniciar la infección, se une a esta proteína DPEP1. Este análisis ha permitido entender con precisión el encaje molecular entre ambas proteínas, revelando que la región de unión del virus es altamente variable, lo que sugiere una gran capacidad de adaptación evolutiva.

## Antivirales y posibilidad de transmisión en humanos

“La zona de la proteína *spike* que permite al coronavirus porcino PHEV unirse al receptor DPEP1 es muy variable y no aparece en las *spikes* de otros coronavirus similares, como el coronavirus humano OC43”, explica **Jérémy Dufloo**, investigador del I<sup>2</sup>SysBio y autor principal del artículo. “Esto sugiere que el uso de DPEP1 como receptor es propio del coronavirus porcino PHEV, y que otros virus de la misma familia usan receptores distintos que aún no se han identificado”, añade.

El estudio también demuestra que si se añade en forma soluble la proteína que el virus utiliza como “puerta de entrada” (DPEP1), esta forma soluble compite con la que está anclada a la membrana de la célula y bloquea la unión de la espícula viral, impidiendo así la entrada del virus. Esto abre la posibilidad de desarrollar **inhibidores de entrada viral** basados en este mecanismo.

Además, los experimentos confirman que la versión humana de DPEP1 también permite la entrada del coronavirus porcino PHEV en las células, lo que plantea preguntas sobre la capacidad de transmisión de este virus de animales a seres humanos.

## Prevención de futuras pandemias

Este trabajo no solo identifica un nuevo receptor viral, sino que también ofrece información clave sobre la evolución de los coronavirus y sus mecanismos de entrada, aspectos fundamentales para anticipar y prevenir futuras pandemias.

Desde el punto de vista de las implicaciones científicas, el hallazgo abre nuevas líneas de investigación. Tal como explica **Rafael Sanjuán**, investigador principal del I<sup>2</sup>SysBio y autor del artículo: “Por un lado, permitirá estudiar con mayor detalle el papel de DPEP1 en la infección por PHEV *in vivo*. Además, proporciona una base para desarrollar fármacos o anticuerpos capaces de bloquear la interacción entre el virus y este receptor, lo que podría conducir a nuevos tratamientos antivirales”. San Juan cree que este descubrimiento plantea un nuevo reto: “identificar los receptores que utilizan otros coronavirus relacionados con PHEV, que aún permanecen desconocidos”, concluye.

Dufloo, J., Fernández, I., Arbabian, A., Haouz, A., Temperton, N., Gimenez-Lirola, L.G., Rey, F.A., Sanjuán, R., ***Dipeptidase 1 is a functional receptor for a porcine coronavirus***. *Nature Microbiology* (2025)  
<https://doi.org/10.1038/s41564-025-02111-7>

**Comunidad Valenciana / CSIC Comunicación**

[comunicacion@csic.es](mailto:comunicacion@csic.es)