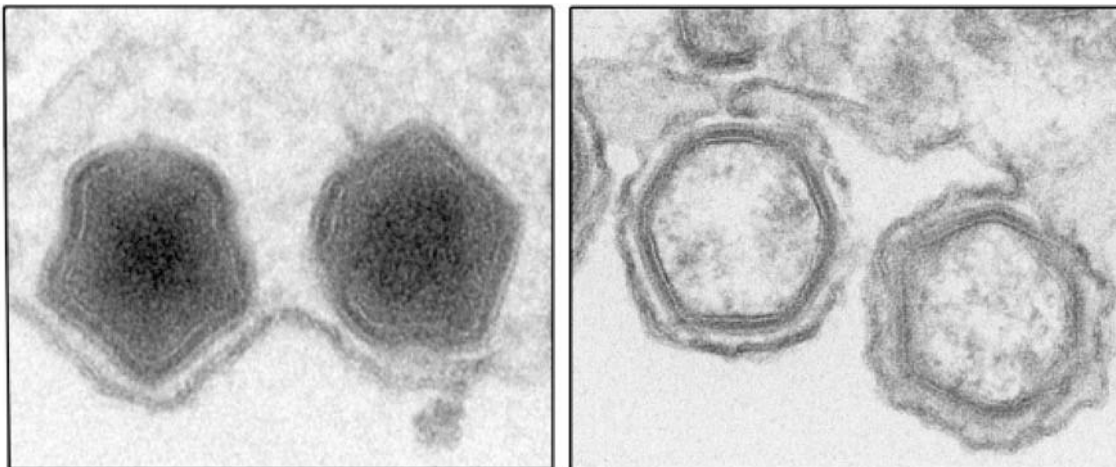




Madrid, jueves 9 de febrero de 2023

Científicos del CSIC identifican un mecanismo clave para la formación del virus de la peste porcina africana

- La proteína viral pEP84R guía la formación de la estructura interna del virión y su inactivación produce partículas vacías sin genoma
- El hallazgo identifica una diana potencial para el desarrollo de compuestos antivirales



Micrografías electrónicas de partículas del virus de la peste porcina africana producidas en presencia (izqda.) y ausencia (dcha.) de la proteína pEP84R / Germán Andrés (CISA, INIA-CSIC).

Un estudio liderado por investigadores del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha identificado un mecanismo clave para la formación del virus de la peste porcina africana, causante de una enfermedad frecuentemente letal que afecta en la actualidad a más de 50 países de los cinco continentes. La investigación, publicada en la prestigiosa revista [PLOS Pathogens](https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006111), demuestra el papel fundamental de la proteína viral pEP84R en la formación de la estructura interna (*core*) del virión, que aloja el genoma viral. El trabajo ha sido realizado por investigadores del Centro de Investigación en Sanidad Animal (INIA-CSIC) y del Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (centro mixto del CSIC y la Universidad Autónoma de Madrid).

La peste porcina africana es una enfermedad hemorrágica que afecta a cerdos domésticos y salvajes y frente a la cual no existe actualmente una vacuna eficaz. La diseminación descontrolada de esta enfermedad a escala mundial ha causado graves perjuicios económicos (se estima que, solo en China, se sacrificaron más de 200 millones de cerdos como consecuencia de un brote en 2018) y sigue amenazando gravemente a la industria ganadera porcina.

La arquitectura molecular del virus de la peste porcina africana, formada por cinco capas concéntricas y más de 70 proteínas diferentes, es extremadamente compleja. “Durante la morfogénesis viral, los componentes internos del virión se ensamblan coordinadamente bajo una membrana lipídica donde se encuentra embebida la proteína pEP84R. La interacción específica de esta proteína con uno de los componentes mayoritarios del *core* permite anclar la formación de este a la del resto de la partícula viral”, señala **Alí Alejo**, investigador del CISA y primer firmante del artículo.

Mediante un detallado análisis, que incluye el empleo de virus modificados genéticamente y técnicas de inmunomicroscopía confocal y microscopía electrónica, el estudio demuestra que, en ausencia de la proteína pEP84R, se produce un drástico desacoplamiento del ensamblaje viral que conduce a la formación de partículas virales vacías, que carecen de genoma.

“El hallazgo, además de explicar una etapa clave de la morfogénesis de uno de los virus más complejos que se conocen, identifica una diana potencial para el desarrollo de compuestos antivirales y proporciona también una estrategia para la generación de virus recombinantes *vacíos*, no infectivos, como posibles prototipos vacunales”, concluye el investigador del CISA **Germán Andrés**, director de la investigación.

A. Alejo, M. García-Castey, M. Guerra, B. Hernández, V. Martín, T. Matamoros, G. Andrés. African swine fever virus transmembrane protein pEP84R guides core assembly. *PLOS Pathogens*. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1011136>

INIA-CSIC Comunicación

comunicacion@csic.es