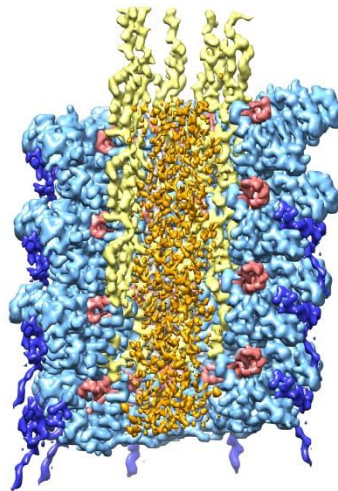




Madrid, jueves 21 de septiembre de 2017

## Hallado un mecanismo que controla el ensamblaje de los potyvirus

- Los potyvirus son uno de los mayores grupos de patógenos de plantas y causan enfermedades que afectan a los cultivos
- El mecanismo está conservado en todos los virus de partículas flexuosas-filamentosas
- El estudio muestra así una diana potencial para diseñar compuestos antivirales aplicables en la agricultura



*Recreación de un potyvirus. / Foto: Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura*

Los potyvirus son uno de los mayores grupos de patógenos de plantas y son causantes de enfermedades que afectan gravemente a numerosos cultivos. Ahora, un equipo de investigadores con participación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha descrito la primera estructura casi atómica de la partícula viral de un potyvirus y ha descubierto un mecanismo genético que controla la capacidad de ensamblaje de estas partículas virales y que está conservado en más de 350 especies de virus pertenecientes a 4 grandes familias. El estudio, publicado en la revista *Science*

*Advances*, muestra así una diana potencial para diseñar compuestos antivirales, lo cual es un objetivo viable para cientos de virus que infectan a una gran variedad de cultivos diferentes con un gran impacto económico en la agricultura.

“Curiosamente, las proteínas de la cápsida de estos virus muestran una homología de secuencia baja (si es que existe alguna), pero hemos identificado un motivo de unión de ARN altamente conservado en el que tres aminoácidos invariantes construyen un bolsillo de unión a ARN de cadena sencilla”, explica Miguel A. Aranda Regules, investigador del CSIC en el Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura, quien ha participado en el estudio. “En un trabajo anterior descubrimos que las mutaciones en estos tres aminoácidos inactivan la capacidad de unión al ARN y el ensamblaje de las partículas virales. Así pues, este motivo es una diana potencial para diseñar compuestos antivirales”.

Desde un punto de vista básico, las repercusiones de estos hallazgos son incluso más amplias, según indican los investigadores. “Así, hemos identificado que las proteínas de las cápsidas de los virus de plantas de partículas filamentosas flexibles tienen un plegamiento con homología estructural con las nucleoproteínas de varios virus de animales con envuelta lipídica, incluyendo el virus de la gripe”, añade Aranda Regules.

“Los potyvirus, así como el resto de los virus de plantas de partículas filamentosas flexibles, tienen viriones no envueltos con genomas de ARN monocatenario de sentido positivo. Por el contrario, los virus de animales que muestran esta homología estructural tienen partículas envueltas y genomas segmentados de ARN de sentido negativo. El hallazgo de que el virus de la gripe (entre otros) comparte el plegamiento de la proteína que protege su ARN con un grupo diverso de virus de plantas previamente no relacionado es asombroso, y podría cambiar la comprensión actual de la evolución y clasificación de los virus”, concluye el investigador.

Miguel Zamora, Eduardo Méndez-López, Xabier Agirrezabala, Rebeca Cuesta, José L. Lavín, Amelia Sánchez-Pina, Miguel A. Aranda, Mikel Valle. **Potyvirus virion structure shows conserved protein fold and RNA binding site in ssRNA viruses.** *Science Advances*. DOI: 10.1126/sciadv.aao2182