



XI Simposio Colombiano & VII Congreso Latinoamericano de Virología  
Barranquilla, 13 al 15 de noviembre de 2025

ÁREA TEMÁTICA: Virología estructural.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.448>

ACV-2025-122

## Estandarización y validación de un modelo bioinformático para el análisis de interacciones entre VPg-eIF4E en potyvirus

ALEJANDRA PÉREZ<sup>1</sup>, JULIANA SÁNCHEZ-YALÍ<sup>1</sup>,  
SARITA QUINTERO<sup>1</sup>, MÓNICA HIGUITA<sup>1</sup>, PABLO GUTIÉRREZ<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratorio de Microbiología Industrial, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín (Colombia).

**Correspondencia:** Alejandra Pérez. alperezp@unal.edu.co

## RESUMEN

**Introducción:** Los potyvirus constituyen el grupo más amplio y económicamente relevante de virus de ARN de plantas, con impacto en una gran diversidad de cultivos a nivel mundial. Un determinante clave en su ciclo de infección es la interacción entre la proteína viral ligada al genoma (VPg) y factores de iniciación de la traducción como eIF4E, eIF(iso)4E y nCBP. Estas interacciones son fundamentales para la replicación viral y también representan un punto crítico en el desarrollo de resistencia genética en plantas. Cambios mínimos en VPg o en eIF4E/eIF(iso)4E pueden interrumpir esta interacción y generar resistencia en la planta. Sin embargo, sustituciones de aminoácidos en VPg capaces de restaurar la interacción con eIF4E mutado permiten a los potyvirus superar esta resistencia, favoreciendo su adaptación y la eventual evasión de las defensas de la planta.

**Métodos:** Este trabajo propone la estandarización de un modelo bioinformático para predecir y analizar la compatibilidad estructural entre VPg y homólogos de eIF4E en plantas. Incluyendo una fase de validación comparativa utilizando diferentes programas de modelación molecular y *docking*, para evaluar la calidad y precisión de las estructuras generadas.

**Resultados:** Se realizó un análisis exhaustivo de las secuencias proteicas para garantizar su correcta anotación, alineamiento y representación estructural, asegurando que el modelo predicho sea el más preciso posible. Los modelos resultantes se emplearán para predecir afinidades de unión y configuraciones espaciales de complejos VPg-factor del hospedero, evaluando cómo mutaciones específicas pueden alterar estas interacciones y proporcionando información sobre la probabilidad de eventos de salto de hospedero en potyvirus.

**Conclusiones:** El objetivo final es disponer de una herramienta validada y reproducible que ofrezca predicciones altamente precisas sobre las interacciones VPg-eIF4E en potyvirus, sirviendo como base para estudios enfocados en su especificidad y adaptabilidad, así como en el diseño de estrategias de resistencia para cultivos susceptibles a este grupo viral.

**Palabras clave:** potyvirus, *docking*, modelación molecular.