

Diseño de vacuna in silico contra la proteína UL141 de *Cytomegalovirus*.

Anakaren Cuellar^a, Mariana Ballesteros^a, y Juan Antonio Gallegos Lopez^{a*}

^a Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Pedro de Alba S/N, Niños Héroes, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México.

* juan.gallegosp@uanl.edu.mx

Palabras clave: *Cytomegalovirus*, epítope, vacuna, in silico, proteína.

Introducción

Citomegalovirus (CMV) es un miembro de la familia de los herpesvirus y se caracteriza por la presencia de infección latente después de la primoinfección.¹ En aproximadamente el 75% de los bebés que nacen con CMV congénito, presentan un daño en el cerebro. Con secuelas tales como; autismo, sordera y epilepsia.² El CMV puede infectar cualquier órgano del cuerpo humano. Los más comunes incluyen la sangre, el cerebro, el colon, los ojos, el corazón, los riñones, el hígado, los pulmones y el estómago. El CMV se transmite por contacto sexual y de sangre infectada.³ Actualmente no existe vacuna para el CMV. Es por eso que en este estudio se diseñó una vacuna in silico contra CMV.

Metodología

Se obtuvo la secuencia de la proteína UL141 del *Cytomegalovirus* en formato fasta de UniProt (no. acceso Q6RJQ3).

Se ingresó la secuencia de la proteína UL141 programas de la Base de datos de epítopes inmunitarios IEDB (<https://www.iedb.org/>) para predecir los residuos inmunogenicos, accesibles, antigenicos e hidrofílicos.

Se ingresó a BLASTp el epítope seleccionado para compararlo con secuencias de proteínas del *Homo sapiens* y así evitar una reacción cruzada por parte de la vacuna.

Se obtuvo la estructura en 3D de la proteína UL141 en el sitio Protein Data Bank PDB (<https://www.rcsb.org/>) y se visualizó con Swiss PDB Viewer. Finalmente, se determina la accesibilidad en superficie del epítope seleccionado.

Resultados y discusión



Figura 1. Péptido inmunogénico, antigénico, accesible e hidrofílico sugerido por los programas del IEDB.

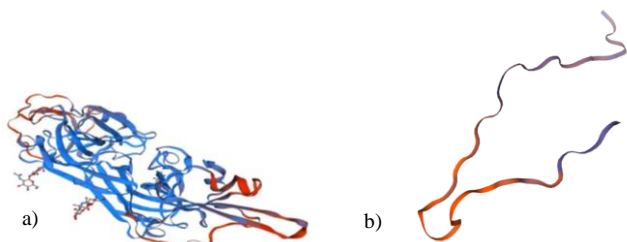


Figura 2. (a) Estructura terciaria de la proteína UL141 b) estructura terciaria del epítope obtenido.

El epítope seleccionado mostró una cobertura de secuencia de 77% y una identidad de 83%.

Un epítope debe cumplir con 4 factores los cuales se observan en la figura 1 la inmunogenicidad está situado del aminoácido (aa) 166-176 lo cual se muestra con la línea roja, la accesibilidad del aa 165-170 resaltado con una franja café, la antigenicidad señalado con la línea verde se sitúa del residuo 155-163 y la hidrofilia del aa 167-173 se identifica con una franja azul.

En la figura 2 se muestra la estructura terciaria de la proteína UL141 obtenida de PDB (4I9X) y la estructura del epítope.

La metodología empleada en este estudio es similar a la empleada en el año 2014, en la cual se diseñó una vacuna universal in silico basada en epítope contra *coronavirus*.⁴

Conclusiones

Gracias a las herramientas de bioinformática en este estudio se obtuvo por primera vez el epítope QRFVILTQLETLSRPDEPCCTP de la proteína UL141, el cual tiene el potencial para ser una vacuna contra *Cytomegalovirus*.

Referencias

1. Vircell microbiologists. Enfermedades infecciosas. <https://www.vircell.com/enfermedad/33-cytomegalovirus/> (consultado el 13 de marzo del 2019)
2. Medical News Today. <https://www.medicalnewstoday.com/articles/173811.php> (consultado el 13 de marzo del 2019)
3. Ingraham, J. *Introduccion a la microbiología*; Editorial: Reverte. 1998; pp 611-613
4. Sharmin, R., & Islam, A. B. M. M. K. BMC Bioinformatics (2014)15:161.