

Diseño de vacuna mediante bioinformática contra el virus causante de la Fiebre de la garrapata de Colorado

Alejandro Reséndez Salinas^a, Viridiana Velázquez^a, Brandon Garza^a, Martha Guerrero Olazarán^a, José María Viader Salvadó^a, Claudio Guajardo Barbosa^a, María Guadalupe Rojas Verde^a, María Elizabeth Alemán Huerta^a y Juan Antonio Gallegos López^{a*}.

^a Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Pedro de Alba, Ciudad Universitaria, San Nicola de los Garzas, Nuevo León, México.

*e-mail: juan.gallegosp@uanl.edu.mx

Palabras clave: epítipo, vacuna, bioinformática.

Introducción

El virus causante de la fiebre de la garrapata de Colorado pertenece al género Coltivirus y a la familia Reoviridae, tiene una forma icosaédrica y no tiene envoltura¹. Tiene tropismo hacia los glóbulos rojos de los humanos, se replica en la médula ósea, corazón, pulmones, ganglios linfáticos y bazo. Los síntomas son fotofobia, dolor de piel, transpiración excesiva, dolor de cabeza, náuseas, vomito, somnolencia y dolores musculares². Actualmente no hay vacunas ni tratamientos específicos contra esta infección viral. En este estudio de diseño *in silico* una vacuna contra el virus causante de la fiebre de la garrapata de Colorado.

Metodología

Se obtuvo la secuencia de la proteína RNA polimerasa dependiente del RNA (VP1) de Uniprot, posteriormente se utilizaron los programas del immune epitope database (IEDB) para identificar un epítipo hidrofílico, antigénico, accesible e inmunogénico. El epítipo detectado se colocó en el programa BLASTP para compararlo con proteínas humanas. Debido a que no se encontró la estructura tridimensional de la proteína VP1 en Protein Data Bank (PDB), se utilizó el programa Swiss Model para modelarla.

Resultados y discusión

El epítipo seleccionado, fue SVSNFPKRSVSADG, en el cual resultó poseer accesibilidad, inmunogenicidad, antigenicidad e hidrofilia (Fig. 2), que son requisitos para la elaboración de una vacuna. Estas características son importantes debido a que la inmunogenicidad es la capacidad que tiene el epítipo de reaccionar frente a un antígeno, la accesibilidad permite la unión del anticuerpo y el epítipo, desencadenando una respuesta inmunológica. Así mismo, no se encontró similitud entre el epítipo identificado y el proteoma humano. En la Figura 2 se muestra la estructura 3D de la proteína VP1, así como el epítipo identificado, el cual resulta estar accesible en la superficie de la proteína.

La metodología empleada en este estudio fue similar a la empleada por Sharmin e Islam quienes en el 2014 diseñaron *in silico* una vacuna universal contra Coronavirus³.

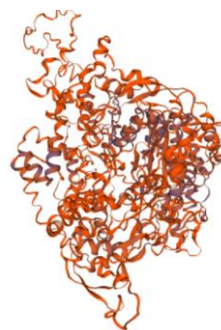


Fig. 1 Estructura 3D de la proteína.

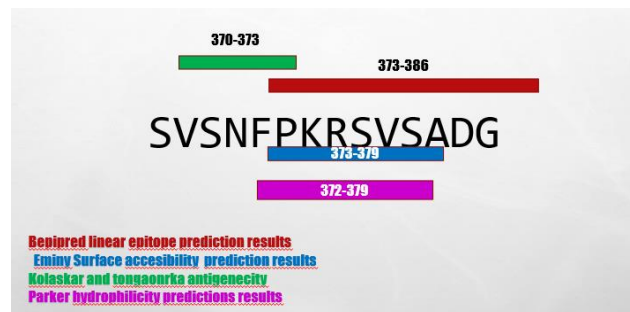


Fig. 2. Epítipo obtenido en los análisis realizados en el IEDB.

Conclusiones

El epítipo identificado en esta investigación podría funcionar como vacuna ante el virus causante de la fiebre de la garrapata de Colorado. A pesar de la aparente eficiencia teórica demostrada en los programas bioinformáticos, es necesario realizar estudios *in vitro* e *in vivo* de la vacuna para confirmar si puede utilizarse en humanos.

Referencias

1. Attoui, H.; Mohd Jaafar, F.; de Micco, P.; de Lamballerie, X. "Coltiviruses and seadornaviruses in North America, Europe, and Asia." *Emerg. Infect. Dis.* 2005, 11, 1673–1679.
2. MedLinePlus. <http://medlineplus.gov> (consultado el 13 de marzo de 2019).
3. Sharmin, R., & Islam, A. B. M. M. K. (2014). A highly conserved WDYPKCDRA epitope in the RNA directed RNA polymerase of human coronaviruses can be used as epitope-based universal vaccine design. *BMC bioinformatics*, 15(1), 161.