

Diseño in silico de una vacuna contra la proteína-F del virus de la Hepatitis C

Cinthia Janeth Martínez Reyes^a, Maricela Rodríguez Reyes^a, Marisol Rodríguez Reyes^a, Valeria Alvarado Valdés^a, Sonia Patricia Soto Rodríguez^a, Griselda Guadalupe Parra Banda^a, Juan Antonio Gallegos López^{a*}

^a Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma De Nuevo León, Pedro de Alba, San Nicolás de Los Garza, México.

*juan.gallegosp@uanl.edu.mx

Palabras clave: Secuencia, Proteína, Epítipo, in silico, Vacuna, Hepatitis C

Introducción

La Hepatitis C (VHC) es un virus de 30 a 38 nm de tamaño con nucleocápside icosaédrica y envoltura, perteneciente al género *Hepacivirus* de la familia *Flaviviridae*, el genoma es de cadena sencilla con polaridad positiva, de 9,6 kb que codifica un polipéptido único de cerca de 300 aminoácidos. Las proteínas estructurales del virus están codificadas en el primer tercio de la poliproteína codificada por el ARN viral. La proteína de la cápside y una envoltura lipídica, está conformada por unas glucoproteínas embebidas llamadas E1 y E2.

La hepatitis C es una enfermedad infectocontagiosa que afecta al hígado provocando que este deje de funcionar correctamente se transmite a través del contacto con la sangre de personas infectadas y relaciones sexuales, además de vía materno- fetal al momento del parto. No existe vacuna para la hepatitis C es por eso que en este trabajo se diseñó una vacuna in-silico contra el virus de la hepatitis C.

Metodología

La secuencia de la proteína-F del virus de la Hepatitis C, con el número de acceso POC045 se obtuvo de la base de datos de Universal Protein Resource (UniProt). Dicha secuencia se analizó con la herramienta Bepipred linear epitopes prediction, para identificar péptidos inmunogénicos, se usó Emini Surface Accessibility Prediction para determinar los péptidos accesibles, la herramienta Kolaskar & Tongaonkar Antigenicity se empleó para la predicción de péptidos antigénicos y por último, se utilizó la herramienta Parker Hydrophilicity Prediction para determinar los epítipos Hidrofílicos, siendo todos estos programas de Immune Epitope DataBase Analysis Resource (IEDB). Para comparar la proteína F del virus con proteínas del humano se usó el programa BLASTP, se creó el modelo tridimensional de la proteína F en la página web Phyre² y se visualizó con el programa Swiss PDB Viewer, manipulamos la estructura señalando la región del epítipo. Finalmente identificamos los aminoácidos accesibles.

Resultados y discusión

Tabla 1 Péptidos sugeridos por los programas del IEBD

Análisis	Inicio	Termino	Péptido
Inmunogenicidad	1	25	MSTNPKPQRKKPNVTPTVAHRTSSS
Accesibilidad	3	14	TNPKPQRKKPNV
Antigenicidad	15	21	TPTVAHR
Hidrofilia	1	7	MSTNPKP

La tabla 1 muestra las posiciones de los residuos que poseen mayor inmunogenicidad, accesibilidad, antigenicidad e hidrofilia de la secuencia de la proteína-F. Nuestro epítipo abarca de la posición 1 a la 25: MSTNPKPQRKKPNVTPTVAHRTSSS y contiene todas las características mencionadas con anterioridad. El epítipo debe ser inmunogénico para generar una respuesta inmune, accesible para su interacción con anticuerpos o receptores celulares específico, debe haber una región antigénica en la que se una un anticuerpo o un receptor de linfocito-T¹.

En la Figura 1 se muestra el modelo teórico de la proteína-F y el epítipo seleccionado el cual resultado estar accesible en la superficie.

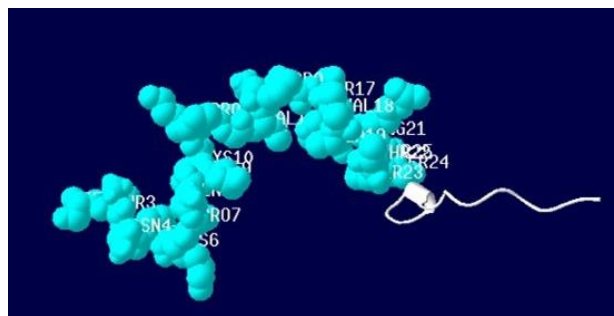


Figura 1 Modelo teórico de la proteína F y del epítipo

Conclusiones

El epítipo de la proteína F del virus de la Hepatitis C, posee el potencial para aplicarse como una vacuna contra dicho virus.

Referencias

- Vega Robledo, G. B. Rev Fac Med UNAM 2009, 52, 41-42.
- Protein Homology/AnalogY Recognition Engine V 2.0.
<http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index> (consultado el 10 de marzo de 2019).