

## Diseño de vacuna mediante bioinformática contra la Glicoproteína del machupovirus.

Isaac Maximiliano<sup>a</sup>, Jorge Delgado<sup>a</sup> y Juan Antonio Gallegos Lopez<sup>a\*</sup>.

<sup>a</sup>Universidad Autónoma de Nuevo León, Pedro de Alba S/N, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, N.L. San Nicolás, México

\*juan.gallegosp@uanl.edu.mx

**Palabras clave:** glicoproteína, vacuna, machupovirus.

### Introducción

La fiebre hemorrágica boliviana (FHB), también conocida como tifus negro, es una fiebre hemorrágica viral.

La infección viral tiene un cuadro clínico lento con fiebre, malestar, jaqueca, dolor muscular y articular. La tasa de mortalidad se estima en un 5 a 30 % de los infectados. Debido a su patogenicidad, el virus Machupo requiere Bioseguridad Nivel Cuatro, el máximo posible.

El portador primario es el *Calomys callosus*, un roedor nativo del norte de Bolivia. Los ratones infectados son asintomáticos y expelen virus en sus excretas, infectándose de ellas los humanos. La evidencia de transmisión persona-persona del virus Machupo existe, pero es muy raro<sup>1</sup>. Hasta el momento no existe vacuna contra dicho virus.

### Metodología

Se analizó la secuencia de la Glicoproteína (no. de acceso Q8AZ57) del Machupovirus, se obtuvo de la base de datos UniProt. La secuencia mencionada se ingresó, para la predicción de inmunogenicidad en el programa Bpipred Linear Epitope Prediction, con el programa del Inmune Epitope Data Base (EDB) para predecir la antigenicidad se usó el programa Kolaskar & Tongaonkar Antigenicity, para la accesibilidad se seleccionó el programa Emini Surface Accessibility Prediction y para predecir la Hidrofilia seleccionamos el programa Parker Hydrophilicity Prediction.

Se ingresó a Blastp el epitope seleccionado para compararlo con proteína humanas y determinar la similitud. Posteriormente se buscó la estructura en 3D de la proteína mencionada; clave de acceso 5W1M en el sitio Protein Data Bank.

### Resultados y discusión

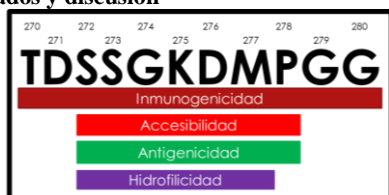


Figura 1. Valores y epítopes predichos por análisis de IEDB.



Figura 2: Estructura de la proteína en 3D

En la figura 2 se muestra la estructura 3D de la Glicoproteína de Machupovirus. Además se muestra el epitope seleccionado el cual resultó estar accesible en la superficie de la proteína.

En la figura se muestra el epitope seleccionado el cual se encuentra de la posición 270 a 280 (TDSSGKDMPPG). La región de accesibilidad seleccionada fue de la posición 272 a la 278 (SSGKDMPP). La región de antigenicidad seleccionada fue de la posición 272 a la 278 (SSGKDMPP). La región de hidrofilicidad seleccionada fue el péptido de la posición 272 a la 277 (LTDSSGKDMPPG).

Nuestra metodología es muy similar a la empleada por Cobar-Pinto que en 2011 diseñó una vacuna in silico contra la proteína Glicoproteína-120 del virus de inmunodeficiencia humana tipo 1.

### Conclusiones

La predicción realizada en este trabajo permitió predecir nuevos epítopes de la Glicoproteína del machupovirus. Los resultados demostraron elevada probabilidad de ser candidata a ser una futura vacuna.

### Referencias

1. Kilgore, Paul E., et al. *Emerging Infectious Diseases*:
2. Iowa State University. College of Veterinary Medicine (2010). Viral Hemorrhagic fevers caused by
3. <https://digi.usac.edu.gt/bvirtual/informes/rapidos2011/INF-2011-38.p>