

Vacuna contra el Nipavirus obtenida por herramientas bioinformáticas

Mariana Valadez Jasso, Denisse Campa^a, Xiomara Maldonado^a, Cynthia Hernandez^a, Juan Muñoz^a y Juan Antonio Gallegos López^{a*}.

^aUniversidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, San Nicolás de los Garza, Monterrey, México.

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

Palabras clave: Nipavirus, vacuna, transmisión zoonótica, epítotope, bioinformática.

Introducción

El virus Nipah (NiV) es un patógeno emergente en el sudeste asiático, que se detectó por primera vez en 1998-1999 en Malasia y Singapur, con brotes estacionales en Bangladesh y la India desde 2001, y un brote en 2014 en Filipinas¹. En el brote de 1998-1999, se reportaron casi 300 casos en humanos con más de 100 muertes y más de un millón de cerdos fueron sacrificados. Desde 2001, NiV ha infectado a cientos de personas con una tasa de letalidad promedio de 75%. Actualmente, no hay vacunas ni terapias autorizadas, solo hay tratamientos de apoyo disponibles². Debido a esto, existe una necesidad para la investigación y el desarrollo de herramientas de diagnóstico altamente sensibles y específicas, así como antivirales y vacunas para ayudar a prevenir y controlar futuros brotes.

Metodología

Se obtuvo la secuencia de la glicoproteína de NiV de UniProt. Para elegir el epítotope se utilizaron los programas del IEDB. El epítotope seleccionado se comparó con proteínas de humano con BLASTp. Para visualizar la proteína en 3D primero se descargó el archivo de la proteína en formato PDB y se utilizó el visualizador de Swiss PDB Viewer para observar la proteína y el epítotope identificado.

Resultados y discusión

Con los programas del IEDB se identificó el epítotope LYQVPLAEDDTNAQKTI que va del aminoácido 546 al 562 de la glicoproteína, que resultó ser inmunogenico accesible, antigénico e hidrofílico (Tabla 1).

Tabla 1. Análisis de pruebas de la glicoproteína del henipavirus en base a su inmunogenicidad, accesibilidad, antigenicidad e hidrofilia.

Análisis de pruebas	Péptido seleccionado	Inicio	Termino
Inmunogenicidad	LAEDDTNAQKT	551	561
Accesibilidad	AEDDTNAQKT	552	561
Antigenicidad	LYQVPLA	546	552
Hidrofilia	LAEDDTNAQKTI	551	562
Consenso	LYQVPLAEDDTNAQKTI	546	562

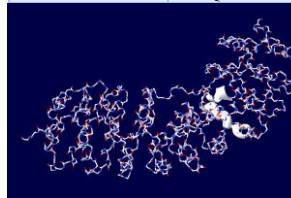


Fig. 1. Se muestra la estructura 3D de la glicoproteína de Nipavirus.

En la figura 1 se muestra la estructura 3D de la glicoproteína de del NiV, así mismo se muestra el epítotope seleccionado, el cual resulta estar accesible en la superficie de la proteína.

La metodología usada en este estudio es similar a la empleada por Beltrán que en el 2018 diseñó *in silico* una vacuna universal contra el papillomavirus³.

Conclusiones

En este estudio se obtuvo por primera vez un epítotope por medio de herramientas bioinformáticas, con potencial para ser empleado como vacuna contra el Nipavirus.

Referencias

1. Sherrini BA, Chong TT. Med J Malaysia 2014;69(Suppl A:1):03-11.
2. WHO, 2018. Nipah Virus (NiV) Infection. <http://www.who.int/csr/disease/nipah/en/> (consultado el 14 de Marzo de 2018).
3. Beltrán Lissabet, J. F. Predicción computacional de epítotos de células B en la oncoproteína E5 del VPH-16 mediante el uso de diversas herramientas bioinformáticas 2016. Vol: 17 pp: 18-26.