

Diseño de una vacuna contra el Virus de la Estomatitis Vesicular de Indiana mediante bioinformática

Valeria Figueroa^a, Nubia Ibarra^a, Grecia López^a, Abigail Partida^a y Juan Antonio Gallegos López^{a*}

^a Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, San Nicolás de los Garza, N.L, México.

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

Palabras clave: epítotope, proteína, proteoma, virus, in silico.

Introducción

El Virus de la Estomatitis Vesicular de Indiana (VEVI) es un virus de ARN que pertenece a la familia Rhabdoviridae y al género Vesiculovirus. Esta enfermedad se caracteriza por vesículas, erosiones y úlceras en la boca, fiebre, dolores musculares, dolor de cabeza y malestar general¹. La transmisión de VEV I no está completamente entendida, sin embargo, los humanos pueden infectarse al manipular animales, tejidos y cultivos de sangre infectados con el virus². En este trabajo se diseñó *in silico* una vacuna contra el VEV I.

Metodología

Primeramente se obtuvo el proteoma del VEV I del GenBank y se seleccionó la glicoproteína para este estudio. Esta proteína se analizó por medio de los programas del Immune Epitope Database And Analysis Resource (IEDB) para la predicción de un epítotope que tuviera regiones hidrofílicas, antigénicas, accesibles e inmunogénicas. Mediante BLAST P se comparó la secuencia del epítotope seleccionado con el proteoma humano, para encontrar su grado de similitud.

Resultados y Discusión

El análisis de la glicoproteína de VEV I con programas del IEDB detectaron un péptido en la glicoproteína de la posición 25-47, el cual mostró ser inmunogénico, por lo que podría estimular la producción de anticuerpos. Además, presento un péptido accesible (24-38), lo cual permitiría la unión del anticuerpo al epítotope y por ende desencadenaría una respuesta inmunológica. Además se observó un péptido antigénico (35-43) y un péptido hidrofílico (25-47). Lo anterior permitió seleccionar un péptido que posee todas las características mencionadas. Finalmente, el epítotope seleccionado no mostró un alto porcentaje de identidad con el proteoma humano, lo que descarta la posibilidad de que los

anticuerpos contra el epítotope, reconozcan alguna proteína en el cuerpo humano. La metodología usada en este estudio es similar a la empleada por Lissabet que en el 2016 diseñó *in silico* una vacuna contra el papillomavirus³.

Tabla 1. Péptidos sugeridos por los programas del IEDB.

Análisis de pruebas.	Péptido sugerido.	Inicio.	Termino.
Inmunogenicidad.	NQKGNWKNVPSNYHYCPSSSDLN	25	47
Antigenicidad.	SNVHYCPSS	35	43
Hidrofilia.	NQKGNWKNVPSNYHYCPSSSDLN	25	47
Accesibilidad.	HNQKGNWKNVPSNYH	24	38
Consenso.	SNVHYCPSS		

Conclusiones

El epítotope HNQKGNWKNVPSNYHYCPSSSDLN de la Glicoproteína de la cápside del VEV I, identificado por primera vez en este trabajo, mostró una respuesta favorable ante las diversas pruebas realizadas en los programas de inmunoinformática, lo que significa que es viable para ser utilizado como una vacuna.

Referencias

1. House, J. A., House, C., Dubourget, P., & Lombard, M. (2003). Vaccine, 21(17-18), 1932-1937.
2. Wagner RR, Rose JK, Rhabdoviridae. In Knipe DM, Howley PM. Editors: Fields virology. Ed 4, Philadelphia, 2001, Lippincott, Williams & Wilkins.
3. Lissabet, J. B. (2016). Vacunas, 17(1), 18-26.