

Diseño de una vacuna *in silico* contra *Naegleria fowleri* causante de la Meningitis Amebiana Primaria

Claudia Daniela Aguilar-Marta^a, Jose Luis Ruvalcaba-Perez^a, Martha Guerrero-Olazarán^a, José María Viader-Salvadó^a, Edy Luz Cab-Barrera^a y Juan Antonio Gallegos-López^{a*}

^aFacultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, Pedro de Alba s/n, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México.

*juan.gallegosp@uanl.edu.mx

Palabras clave: *Naegleria fowleri*, bioinformática, epítoto.

Introducción

N. fowleri es una ameba, se encuentra en suelo y agua dulce templada, ingresa a las fosas nasales del ser humano, migra al cerebro y produce la Meningoencefalitis Amebiana Primaria, la cual posee una tasa de mortalidad de >97%. Actualmente, no posee vacuna ni tratamiento eficaz, de ahí la importancia de diseñar una vacuna contra *N. fowleri*¹.

Gracias a la bioinformática, hoy es posible predecir, epítotos, de microorganismos, que pueden estimular una respuesta inmunitaria, permitiendo desarrollar vacunas, más rápido, baratas y con mayor probabilidad de éxito². En este estudio se predijo mediante bioinformática, la localización de un epítoto, con potencial para estimular una respuesta inmune contra *N. fowleri*.

Parte experimental

Primeramente, las proteínas de *N. fowleri*, fueron obtenidas del GenBank y analizadas con los programas para predecir epítotos de células B del sitio Immune Epitope DataBase (IEDB) y detectar un epítoto que fuera inmunogénico, antigénico hidrofílico y accesible. Posteriormente, el epítoto seleccionado se comparó con secuencias aminoacídicas, usando el programa Blast para descartar una alta similitud entre el epítoto seleccionado y proteínas humanas. Finalmente, se predijo la estructura 3D de la proteína con el programa SWISS-MODEL y se visualizó con el programa Deep View.

Resultados y Discusión

Los análisis de proteínas de *N. fowleri* con programas del IEDB detectaron un epítoto de la actina 1, localizada en la membrana (Tabla I), que mostró ser inmunogénico, lo que permite estimular la producción de anticuerpos. Así mismo, presente accesibilidad, lo cual permite la unión del anticuerpo y el epítoto, desencadenando una respuesta inmunológica³. Además, el epítoto seleccionado no mostró ninguna similitud con alguna proteína humana, descartando la posibilidad de que los anticuerpos generados contra el epítoto reconozcan alguna proteína del cuerpo humano.

Tabla I. Epítotos sugerido de la actina 1 de *N. fowleri* por el IEDB

Análisis	Péptido sugerido	Inicio	Termino
Inmunogenicidad	AAESSSVEKSYELPDG	230	245
Antigenicidad	AESSSVEKSYEL	231	242
Hidrofilia	SSSVEK	233	338
Accesibilidad	SSSVEKSYEL	234	243
Consenso	SSSVEK	234	242

La figura 1 muestra el modelo teórico de la estructura de la proteína actina 1 de *N. fowleri*, en formato de listón, la cual mostró un 86.45 % de identidad con la actina de *Bos taurus* con el código PDB: 3ub5. Además, se muestra el epítoto en formato de esferas, el cual se encuentra en la superficie de la estructura de la proteína.

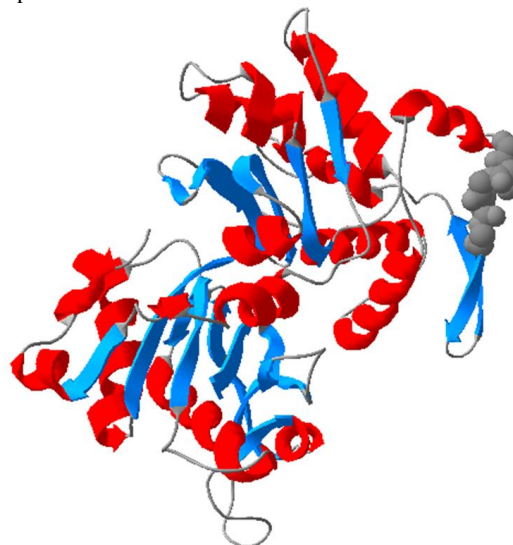


Fig. 1. Modelo teórico de la proteína actina 1 de *N. fowleri* en formato de listón. También se muestra el epítoto seleccionado en formato de esferas.

La metodología empleada en este estudio es similar a la empleada por Sharmin y colaboradores, quienes en el 2014, diseñaron una vacuna universal *in silico* basada en epítoto contra coronavirus⁴.

Conclusión

En este estudio se predijo mediante bioinformática, el epítoto SSSVEK, el cual posee potencial para estimular una respuesta inmunológica contra *N. fowleri*.

Referencias

1. De Jonckheere, J.F. *Protist.* (2004) 155:89–103.
2. Rappuoli, R. *Vaccine.* (2001) 19:2688–2691.
3. Caoili. 2011. *Immunome. Res.* (2011) 7:2.
4. Sharmin, R., & Islam, A. B. M. M. K. *BMC Bioinformatics* (2014)15:161