

## Detección de epitopes de la glicoproteína H del Herpesvirus Humano 6A

Joezer Jordán Pérez Ruiz\* y Nathalia Lizeth Walle Gloria

Universidad Autónoma de Nuevo León, Pedro de Alba S/N, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, México.

[Joezerj.perezr@gmail.com](mailto:Joezerj.perezr@gmail.com)\*

**Palabras clave:** Herpesvirus humano 6, HHV-6, Herpesvirus humano 6A, HHV-6A, HTLV.

### Introducción.

Herpesviridae comprenden una gran familia de virus con ADN envuelta, todos emplean ortólogos de las mismas tres glicoproteínas, GB, gH y gL<sup>1</sup>. El género de Roseolovirus comprende el Herpesvirus humano 6 (HHV-6). En el 2012 se clasificó en dos virus<sup>2</sup>, Herpesvirus humano 6 variante B (HHV-6B) causante de la roséola infantil y Herpes virus humano 6 variante A (HHV-6A)<sup>3</sup> conocido antiguamente como Virus linfotrópico B humano (HTLV) causante de la enfermedad de la Leucemia en células T adultas.

### Parte experimental.

I. Se recuperó la secuencia aminoacídica de la glicoproteína H con número de acceso P28864 desde UniProt.

II. La secuencia recuperada fue ingresada en IEDB Analysis Resource donde se realizaron los análisis de Inmunogenicidad, Antigenicidad, Accesibilidad e Hidrofilia.

III. Se buscó un epítipo por encima del umbral (Threshold) establecido (Ver tabla 1).

IV. Los residuos aminoacídicos tomados en cuenta para realizar la vacuna fueron ingresados en BLASTp, esto para observar su similitud con el Humano.

V. En SWISS-MODEL se predijo la estructura en 3D de la proteína elegida (Glicoproteína H).

VI. Se observó la estructura en 3D de la proteína en Swiss-PdbViewer seleccionando la estructura del epítipo elegido.

### Resultados.

Al someter el epítipo elegido contra la base de datos del programa de alineamiento local BLASTp, no se encontró alta similitud con alguna proteína humana.

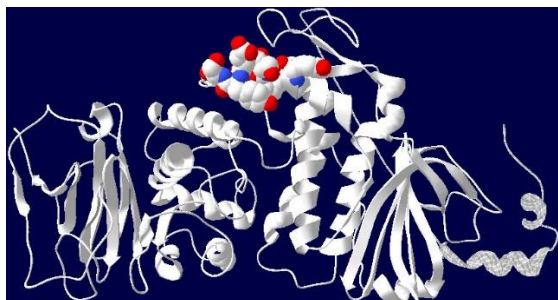


Figura 1. Modelado en 3D del epítipo de la glicoproteína H en

Swiss-PdbViewer.

Tabla 1.

Resultados del epítipo sometido a las distintas pruebas.

Position	Residuo	Prueba	Threshold	Score
354	Y	Inmunogenicidad	0.350	0.759
355	E			
356	P	Antigenicidad	1.000	1.018
357	S			
358	D	Accesibilidad	1.000	3.369
359	Y			
360	S	Hidrofilia	3.448	4.157

### Discusión.

La glicoproteína H de heterodímero H es necesaria para la fusión de las membranas vírica y plasmática que conduce a la entrada del virus en la célula huésped<sup>4</sup>; esta característica la hace una proteína que cumple con el parámetro de accesibilidad además de cumplir con los parámetros necesarios de ser usada como epítipo de inmunogenicidad, antigenicidad e hidrofilia<sup>5</sup>.

### Conclusion.

Se determinó mediante programas computacionales, el epítipo YEPSDYS de la glicoproteína H del Herpesvirus Humano 6A, con potencial para estimular una respuesta inmunológica contra dicho virus. Se requerirán más estudios para verificar la eficacia del epítipo seleccionado.

### Referencias.

1. Eisenberg, R. et al. *Viruses* 2012, 4, 800-832.
2. Ablashi, D. et al. *Arco Virol* 2014, 159, 863-870.
3. Braun, D.; Domingues, G.; Pellet, P. *Clin Microbiol Rev.* 1997, 10, 521-567.
4. UniProt. <http://www.uniprot.org/uniprot/P68324> (consultado el 21 de marzo de 2017).
5. Sharmin, R. & Bashar, A. *BCM Bioinformatics* 2014, 15, 16.