

Detección de epítopes en proteínas relacionadas con la patogenicidad de *Naegleria fowleri*, mediante bioinformática

Jorge Eduardo Anguiano-Pérez ^a, Claudio Guajardo-Barbosa ^a, Juan Antonio Gallegos-López ^{a*}

^aFacultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León. Pedro de Alba, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, N. L., Méx.
[*juan.gallegosp@uanl.edu.mx](mailto:juan.gallegosp@uanl.edu.mx)

Palabras clave: vacuna, bioinformática, *Naegleria fowleri* y epítope.

Introducción

El género *Naegleria* está formado por amebas de vida libre. *Naegleria fowleri* es un patógeno que se encuentra distribuida en todo el mundo y es responsable de la Meningoencefalitis Amebiana Primaria, la cual es una enfermedad de curso rápido y que posee una tasa de mortalidad cercana al 97%¹. A pesar de esto a la fecha no existe vacuna ni tratamiento eficaz contra *N. fowleri*, por lo cual es importante el desarrollo de una vacuna que proteja contra dicho patógeno. La vacunación es el procedimiento en el cual se administra un agente infeccioso atenuado a un individuo, induciendo en este, una inmunidad protectora frente a dicho agente infeccioso. En el 2014 Zysset identificó 19 proteínas relacionadas con la patogenicidad de *N. fowleri*². El uso de la bioinformática permite predecir vacunas candidatas con mayor probabilidad de éxito. En el presente estudio se analizaron 19 proteínas relacionadas con la patogenicidad de *N. fowleri*, con programas de bioinformática, para identificar epítopes con potencial para estimular una respuesta inmunológica contra dicho patógeno.

Parte experimental

En este trabajo 19 proteínas de *N. fowleri* consideradas como factores de patogenicidad, fueron analizadas con herramientas bioinformáticas del Immune Epitope Database and Analysis Resources (IEDB), para identificar péptidos que fueran accesibles, inmunogénicos, hidrofílicos y antigénicos. Adicionalmente, las 19 proteínas se compararon con secuencias aminoacídicas humanas de las bases de datos empleando el programa Blastp del National Center for Biotechnology Information, para descartar aquellas secuencias que tuvieran un alto porcentaje de similitud con secuencias proteicas del ser humano. Las proteínas que portaron los epítopes con mayor puntaje, según los programas del IEDB y con baja similitud con proteínas humanas, fueron seleccionadas para el diseño de la vacuna contra *N. fowleri*. Finalmente, se generó un modelo teórico de la estructura 3D de la proteína con el epítope seleccionado, con el programa SWISS-MODEL y el programa Swiss-PdbViewer se empleó para determinar la ubicación del epítope y corroborar su accesibilidad en la superficie de la estructura.

Resultados y discusión

De las 19 proteínas de patogenicidad de *N. fowleri* analizadas con el IEDB, la proteína Nf314 mostró tres epítopes con mayor accesibilidad, hidrofilia, inmunogenicidad y antigenicidad (Tabla I), respecto a los demás proteínas analizadas. Adicionalmente, el análisis de las 19 proteínas de patogenicidad de *N. fowleri* con Blastp, mostró que la proteína Nf314 de *N. fowleri*, posee la más baja similitud con proteínas del ser humano. El programa Swiss-

PdbViewer mostró que los epítopes identificados se encuentran en la superficie de la estructura de la proteína Nf314 de *N. fowleri*. Estos resultados sugieren que los epítopes identificados en la proteína Nf314 de *N. fowleri* tienen el potencial para despertar una respuesta inmunológica contra *N. fowleri*. Además, es poco probable que el empleo de estos epítopes como vacuna, generen anticuerpos contra alguna proteína del ser humano. La metodología empleada en este trabajo es similar a la descrita por Sharmin e Islam, quienes en 2014 diseñaron una vacuna universal contra coronavirus mediante bioinformática³.

Tabla I. Epítopes de la proteína Nf314 de *N. fowleri* sugeridos por el IEDB.

Inicio	Fin	Péptidos	Score total
119	138	YSNSTDDYQNLNDVQAASDM	198.904
277	296	KLKTTQEMTFQVLDPKTQQP	156.078
168	187	YVPTTAYNIVEGNKGKQQPY	155.482

Conclusiones

En este trabajo se identificaron por primera vez tres epítopes en la proteína Nf314 de *N. fowleri*, con potencial para inducir una respuesta inmunológica contra *N. fowleri*.

Agradecimientos

Especial reconocimiento merece el Dr. Juan Antonio Gallegos López por la corrección de errores, sugerencias, resolución de dudas, guía, retroalimentación, consejos y su interés mostrado en este trabajo.

Referencias

1. De Jonckheere, J.F. Protist. 2004, 155, 89–103.
2. Zysset, D.; Müller, N.; Beuret, C.; Heller, M.; Schürch, N.; Gottstein, B.; Wittwer, M. BMC Genomics. 2014, 15, 496-511
3. Sharmin, R.; Islam, A. 2014. BMC Bioinformatics