



## Diseño *in silico* de una vacuna contra Virus de la Peste Porcina Africana

José Eduardo Escobedo-Silva<sup>a</sup>, Martha Guerrero-Olazarán<sup>a</sup>, José María Viader-Salvadó<sup>a</sup>, Lucila Adriana Galán-Franco<sup>a</sup>, Juan Antonio Gallegos-López<sup>a\*</sup>

<sup>a</sup> Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Pedro de Alba, Ciudad Universitaria, San Nicola de los Garzas, Nuevo León, México.

\*E-mail de autor responsable. juangallegos.lp@uanl.edu.mx

**Palabras clave:** Virus de la Peste Porcina Africana; vacuna; *in silico*.

### Introducción

El virus de la Peste Porcina Africana (VPPA) pertenece a la familia *Asfaviridae*. Este virus causa una fiebre hemorrágica altamente contagiosa y mortal<sup>1</sup>.

El VPPA es altamente transmisible entre cerdos domésticos a través del contacto directo y la garrapata *Ornithodoros erraticus*<sup>2</sup>.

Actualmente, no se cuenta con una vacuna aprobada contra el VPPA, y las vacunas en fase de experimentación solo funcionan contra la cepa para la cual fueron diseñadas, existiendo todo tipo de acercamientos, desde vacunas vivas atenuadas, con eliminación de genes, hasta vacunas de DNA, con cepas originarias de Kenia, Portugal, Georgia, entre otros países<sup>3</sup>. En este estudio se diseñó mediante bioinformática una proteína de fusión con péptidos candidatos conservados contra el VPPA.

### Metodología

Primeramente, las secuencias de las proteínas p30, p54, p72 de cepas de importancia de VPPA se obtuvieron de las bases de datos de proteínas del National Center for Biotechnology Information (NCBI) y se compararon mediante un alineamiento múltiple empleando el servidor en línea de Clustal Omega.

Además, las regiones conservadas de las proteínas p30, p54, p72 fueron analizadas con programas del Immune Epitope Data Base (IEDB) para detectar un péptido que fuera inmunogénico, antigénico, hidrofílico, accesible, flexible y que estuviera en giro beta, al mismo tiempo.

Con dichos resultados se creó una proteína de fusión unidos mediante el enlazador (GGGS)<sub>3</sub>.

Finalmente, se generó una estructura teórica a partir de la secuencia resultante de VPPA, para lo cual se utilizó el servidor I-TASSER. La accesibilidad de los péptidos candidatos seleccionados se verificó usando el programa Swiss Pdb Viewer.

### Resultados y discusión

Recientemente se ha demostrado que las proteínas p72, p54 y p30 tienen efectos neutralizantes, incluso se ha reportado que p30 puede inhibir la internalización del VPPA<sup>4</sup>. Por esta razón, en este estudio se emplearon estas proteínas para el diseño de una vacuna contra el VPPA.

Se identificaron los péptidos 1 (QAQEEWNMILHVLFEED), 2 (AAIEEEDIQFINPYQDQQW) y 3 (GQLQTFPRNGYDWDNQTPLEGAVYTLVDPF) en la proteína p30, p54 y p72, respectivamente. Estos péptidos

resultaron estar conservados y ser candidatos a vacuna. Además, se obtuvo la secuencia de la PF portadora de los péptidos candidatos unidos mediante el enlazador (GGGS)<sub>3</sub>. Este enlazador se empleó por su alta estabilidad y plegamiento, y por mejorar la actividad biológica. El programa BlastP no mostró un alto porcentaje de identidad entre la proteína de fusión y proteínas de *S. domesticus* esto para evitar una posible reacción cruzada. El programa de Swiss PDB Viewer mostró que los péptidos candidatos del modelo teórico de proteína de fusión se encuentran accesibles. La metodología empleada en este estudio es similar a la empleada por Gallegos-López y colaboradores quienes en el 2022 diseñaron una proteína de fusión para expresarse en tomate contra el SARS CoV-2 mediante bioinformática<sup>5</sup>.

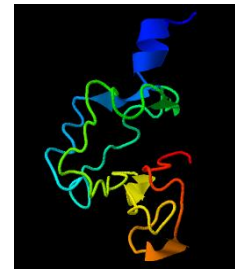


Figura 1. Modelo 3D de la proteína propuesta para vacuna contra el VPPA

### Conclusiones

La PF diseñada en este estudio posee potencial para inducir la producción de anticuerpos neutralizantes contra el VPPA, no obstante, es necesario realizar estudios *in vitro* e *in vivo* para verificar la eficacia de la vacuna.

### Referencias

1. Mettenleiter, T.; Sobrino, F. *Molecular Biology*. 2008
2. Gaudreault, N.; Madden, D.; William, C.; Trujillo, J.; Richt, J. *Front. Vet. Sci.* 2020. 7,215
3. Wu, K.; Liu, J.; Wang, L.; Fan, S.; Li, Z.; Li, Y.; Yi, L.; Ding, H.; Zhao, M.; & Chen, J. *Vaccines*, 2020. 8(3), 531.
4. Gómez-Puertas P.; Rodríguez F.; Oviedo J.; Brun A.; Alonso C.; Escribano J. *Virology*. 1998; 243:461–471.
5. Gallegos-López, J.A.; Garza-García, D.M.; Martínez-Villalobos, J.M.; Viader-Salvadó, J.M.; Guerrero Olazarán, M.; Galán-Wong, L.J. *RIIT* 2022. 10(55), 100-113.