



XVII encuentro  
Participación de la  
Mujer  
en la Ciencia



## **ANÁLISIS INMUNOINFORMÁTICO DE LAS PROTEÍNAS HN Y F DEL VIRUS CAUSANTE DE LA ENFERMEDAD DEL OJO AZUL.**

Blanca Maydali Jiménez Fernández<sup>1</sup>, Ali Antonio García Barrera<sup>1</sup>, Lorena Elizabeth Chávez Guitrón<sup>1</sup> y Florencia del Carmen Salinas Pérez<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Tecnológica de Tecámac. [aagarcia@uttecamac.edu.mx](mailto:aagarcia@uttecamac.edu.mx)

El Rubulavirus Porcino (PoRV) ahora llamado Orthorubulavirus porcino forma parte de la subfamilia Rubulaviridae y familia Paramyxoviridae. El PoRV. Está compuesto por una cadena de RNA de polaridad negativa, no segmentada, cuyo tamaño de genoma es de 15180 nt, que codifica para 6 proteínas estructurales de las cuales se destacan: La proteína hemaglutinina-neuraminidasa (HN) y la proteína de fusión (F). El PoRV. Es catalogado como un virus endémico y cuarto agente causal de pérdidas económicas, en 18 diferentes estados de la República Mexicana, principalmente Michoacán, Jalisco y Guanajuato. Afecta a cerdos de 3 meses de edad y en adultos; es considerado como el responsable de generar el síndrome del ojo azul (opacidad corneal), malformaciones testiculares y abortos en hembras. El tratamiento para esta enfermedad es costoso y conduce al mismo resultado, la esterilidad del animal. Para esta infección existen diferentes vacunas inactivadas, en la actualidad estas han disminuido en su porcentaje de protección abriendo la puerta a la posibilidad de desarrollar nuevas vacunas capaces de generar una respuesta inmune efectiva y duradera. Debido a que en la actualidad el Rubulavirus porcino es la cuarta enfermedad que causa grandes pérdidas económicas en la producción porcícola en México, así como la falta de una vacuna efectiva y tomando en cuenta los trabajos realizados sobre la predicción de epítopos inmunogénicos, se propuso el diseño de péptidos vacunales, mediante la identificación por métodos bioinformáticos de epítopos inmunogénicos. Mediante un análisis *in silico* en el que se determinó diferentes propiedades estructurales (hidrofilicidad, exposición a antígenos, flexibilidad y exposición) se lograron identificar siete péptidos altamente inmunogénicos en la proteína HN y tres péptidos para la proteína F, a dichos péptidos se les evaluó su interacción molecular mediante la técnica de Docking. Como resultado se eligieron dos péptidos para cada proteína (HNPoRV424, HNPoRV451, FPoRV60 y FPoRV432), capaces de interactuar con la molécula de MHC I y II. De este modo se concluye que las proteínas HN y F del PoRV presentan péptidos con alta probabilidad inmunológica que puedan utilizarse como blancos de aplicación de una vacuna peptídica.