

07/03/2019

## Desenvolupat un nou software per a l'anàlisi de la presentació antigènica als limfòcits T



Un grup de científics de la UAB ha desenvolupat un nou software per a la identificació de les característiques dels repertoris peptídics presentats per les molècules de HLA de classe I i HLA-DR als limfòcits T. Els limfòcits T reconeixen fragments proteics (pèptids) presentats a la superfície cel·lular per les molècules del complex principal d'histocompatibilitat (MHC, HLA en humans). Aquestes molècules poden presentar milers de pèptids diferents amb diverses restriccions. L'anàlisi d'aquests repertoris peptídics és fonamental per a dilucidar l'activació dels limfòcits T generats en infeccions, malalties autoimmunes i càncer. Amb aquest nou software, anomenat PRBAM (Peptide Repertoire-Based Anchor Motif), s'aporta una eina potent per a l'anàlisi dels repertoris peptídics de les molècules de MHC. PRBAM utilitza un algoritme nou, fet que el fa complementari als programes ja existents.

Els limfòcits T són cèl·lules del sistema immunitari imprescindibles per a eliminar les cèl·lules tumorals o infectades per virus i per a dirigir la resposta d'anticossos i

l'activació d'altres cèl·lules durant l'eliminació dels patògens. Els receptors dels limfòcits T no reconeixen els patògens directament, sinó que ho fan a través del reconeixement de fragments proteics presentats per unes molècules denominades molècules del complex principal d'histocompatibilitat (MHC, HLA en humans). Existeixen dos tipus de molècules de MHC: de classe I i de classe II. Cadascuna d'elles presenta a la superfície un conjunt molt variat de pèptids procedents de proteïnes localitzades a diferents compartiments de la cèl·lula. A més, els pèptids que s'uneixen a les molècules de MHC de classe I són diferents (més curts i ancorats als extrems del lloc d'unió) que els de classe II.

Les molècules de MHC estan codificades per gens extremadament polimòrfics. Aquestes molècules estan involucrades en el rebuig de teixits i òrgans trasplantats. La dificultat de trobar dos individus compatibles en un trasplantament dona una idea del polimorfisme d'aquests gens. La variabilitat d'aquestes molècules implica la unió de diferents conjunts de pèptids a cada al·lotip.

La identificació de les característiques dels pèptids que s'uneixen a cada molècula d'HLA és de gran importància per a trobar lligands peptídics que puguin ser reconeguts pels limfòcits T. És en aquest context on el grup liderat pel Dr. Alvarez de la Unitat d'Immunologia del Departament de Biologia cel·lular, fisiologia i immunologia de la UAB ha desenvolupat una nova eina informàtica, basada en les interaccions conegudes dels pèptids amb les molècules de MHC de classe I i de HLA-DR (un tipus de molècula de classe II) que determina, utilitzant llistes de pèptids obtinguts per espectrometria de masses, els motius dels pèptids associats a una determinada molècula de MHC de classe I o de HLA-DR. El software, anomenat PRBAM (Peptide Repertoire-Based Anchor Motif) i descrit a la revista *Immunology*, és de molt fàcil ús i determina amb una eficiència alta les característiques de seqüència de cada repertori peptídic.

L'algoritme utilitzat per PRBAM és diferent a altres desenvolupats prèviament en altres programes informàtics i és superior, almenys en determinades molècules de HLA-DR, a altres de les alternatives disponibles. En definitiva, PRBAM és una nova eina útil per a la interpretació dels complexos repertoris peptídics analitzats en el camp de la immuno-peptidòmica i és complementari a altres programes descrits prèviament.

**Anna Mestre-Ferrer, Erika Scholz, Jepi Humet-Alsius i Iñaki Alvarez**

Unitat d'Immunologia

Departament de Biologia Cel·lular, de Fisiologia i d'Immunologia

Universitat Autònoma de Barcelona

[Iñaki.Alvarez@uab.cat](mailto:Iñaki.Alvarez@uab.cat)

**Referències**

