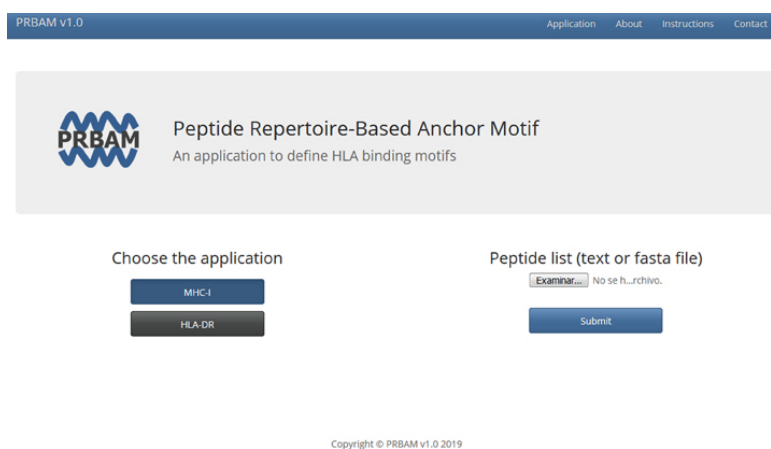


07/03/2019

## Desarrollado un nuevo software para el análisis de la presentación antigénica a los linfocitos T



Un grupo de científicos de la UAB ha desarrollado un nuevo software para la identificación de las características de los repertorios peptídicos presentados por las moléculas de HLA de clase I y HLA-DR a los linfocitos T. Los linfocitos T reconocen fragmentos proteicos (péptidos) presentados en la superficie celular por las moléculas del complejo principal de histocompatibilidad (MHC, HLA en humanos). Estas moléculas pueden presentar miles de péptidos diferentes con diversas restricciones. El análisis de estos repertorios peptídicos es fundamental para dilucidar la activación de los linfocitos T generados frente a infecciones, enfermedades autoinmunes y cáncer. Con este nuevo software, denominado PRBAM (PeptideRepertoire-Based Anchor Motif), se aporta una potente herramienta al análisis de los repertorios peptídicos de las moléculas de MHC. PRBAM usa un algoritmo nuevo, lo que lo hace complementario a los programas existentes.

Los linfocitos T son células del sistema inmune imprescindibles para eliminar las células tumorales o infectadas por virus y para dirigir la respuesta de anticuerpos y la activación de

otras células durante la eliminación de los patógenos. Los receptores de los linfocitos T no reconocen los patógenos directamente, sino que reconocen fragmentos proteicos presentados por unas glicoproteínas denominadas moléculas del complejo principal de histocompatibilidad (MHC, HLA en humanos). Existen dos tipos de moléculas de MHC: de clase I y de clase II. Cada una de ellas presenta en la superficie un conjunto muy variado de péptidos procedentes de proteínas localizadas en diferentes compartimentos de la célula. Además, los péptidos que se unen a las moléculas de MHC de clase I son diferentes (más cortos y anclados en los extremos del sitio de unión) a los de clase II.

Las moléculas de MHC están codificadas por genes extremadamente polimórficos. Estas moléculas están involucradas en el rechazo de tejidos y órganos trasplantados. La dificultad de encontrar dos individuos compatibles para el trasplante da idea del polimorfismo de estos genes. La variabilidad de estas moléculas implica la unión de diferentes conjuntos de péptidos de cada alotipo.

La identificación de las características de los péptidos que se unen a cada molécula de HLA es de gran importancia para encontrar ligandos peptídicos que pueden ser reconocidos por los linfocitos T. Es en este contexto donde el grupo liderado por el Dr. Álvarez de la Unitat d'Immunologia del Departament de Biologia cel·lular, fisiologia i immunologia de la UAB ha desarrollado una nueva herramienta informática, basada en las interacciones conocidas de los péptidos con las moléculas de MHC de clase I y de HLA-DR (un tipo de molécula de clase II) que determina, usando listas de péptidos obtenidos por espectrometría de masas, los motivos de los péptidos asociados a una determinada molécula de MHC de clase I o de HLA-DR. El software, denominado PRBAM (Peptide Repertoire-Based Anchor Motif) y descrito en la revista *Immunology*, es de un uso muy fácil y directo y determina con una alta eficiencia las características de secuencia de cada repertorio peptídico.

El algoritmo usado por PRBAM es diferente a otros desarrollados previamente en otros programas informáticos y es superior, al menos en determinadas moléculas de HLA-DR, a otras alternativas disponibles. En definitiva, PRBAM es una nueva herramienta útil en la interpretación de los complejos repertorios peptídicos analizados en el campo de la inmunopeptidómica y es complementario a otros programas descritos previamente.

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

Unidad de Inmología

Departamento de Biología Celular, de Fisiología y de Immunología

Universitat Autònoma de Barcelona

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

## Referencias

Mestre-Ferrer A, Scholz E, Humet-Alsius J and Alvarez I. (2019). **PRBAM: a new tool to analyze the MHC class I and HLA-DR anchor motifs.** *Immunology*, 156, 187–198.

DOI: [10.1111/imm.13020](https://doi.org/10.1111/imm.13020).

[View low-bandwidth version](#)