

HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA LA SALUD: OPTIMIZACIÓN DE ENSAYOS SEROLÓGICOS PARA LA VIGILANCIA DE FLAVIVIRUS DE IMPORTANCIA REGIONAL

Scialfa, I(1); Lorch, MS(1); Spinsanti, LI (2); Morales, MA (3); Argüelles, MH (4); Gebhard, LG(1); Lozano, ME(1); Iglesias, NG y Goñi, SE(1)

(1) Laboratorio de Virus Emergentes (LVE), DtoCyT, Universidad Nacional de Quilmes, Bernal, Argentina.

(2) Laboratorio de Arbovirus, Instituto de Virología "Dr. Carlos Vanella" (InViV), Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

(3) Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas (INEVH), ANLIS

(4) Laboratorio de Inmunología y Virología (LIV), DtoCyT, Universidad Nacional de Quilmes, Bernal, Argentina.

El diagnóstico para Flavivirus está fuertemente centrado en el empleo de ensayos serológicos, ya sea de forma directa (determinación de antígenos tempranos), o indirecta (determinación de respuesta inmune, IgM o IgG en suero o LCR de pacientes). Es así que para poder llevar adelante la vigilancia epidemiológica de los mismos en diferentes hospedadores, se debería contar con herramientas de fácil empleo y versatilidad. De esta forma, a través de este trabajo se propone la expresión y purificación de las proteínas NS1 de los virus West Nile (WNV), Saint Louis (SLEV), Dengue (serotipo 1) (DENV-1), Zika (ZIKV) y Fiebre Amarilla (YFV) para ser empleados en un esquema de bloqueo de epítopes. Este tipo de ensayo permite llevar adelante el análisis de sueros de diferentes animales, pudiendo además, analizar en forma simultánea estos sueros de interés con los diferentes antígenos. Una vez realizado el primer análisis, se podrán aplicar técnicas más específicas como Elisás de diagnóstico indirecto o microneutralización. De esta forma, se han logrado expresar exitosamente todas las proteínas indicadas previamente y además una variante que contiene epítopes relevantes identificados mediante herramientas bioinformáticas para la NS1 de SLEV. Inicialmente, se han podido establecer los parámetros para llevar adelante un esquema de Elisa de detección de IgG, centrándonos en este trabajo en las variantes NS1-HT_{SLEV}, NS1-HT_{WNV} y EPS-HT_{SLEV}. De esta forma, fue posible observar una detección diferencial con los sueros empleados, destacando además una disminución en la sensibilidad cuando se usa la variante de epítopes, aunque no así con la especificidad. Es así que resulta interesante el análisis de las variantes proteicas que permitan dar lugar al aumento de la especificidad sin perder la sensibilidad.

Programa de Investigación: Virología Molecular Básica y Aplicada (ViMBA). Director: Dr. Daniel Ghiringhelli. Co-Director: Dra. Graciela Almallo de Glikmann, Dra. Leticia Bentancor, Dra. Sandra Goñi. 1 de mayo de 2019 hasta 30 de abril de 2023. Resol. (R) N° 990/19.

Herramientas moleculares para la salud: desarrollo de ensayos serológicos de diagnóstico para SLEV y WNV. Resoluciones R. N° 651/20 y N° 740/20. Proyectos de investigación orientados por la práctica profesional-Universidad Nacional de Quilmes. Marzo 2020-Diciembre 2021