

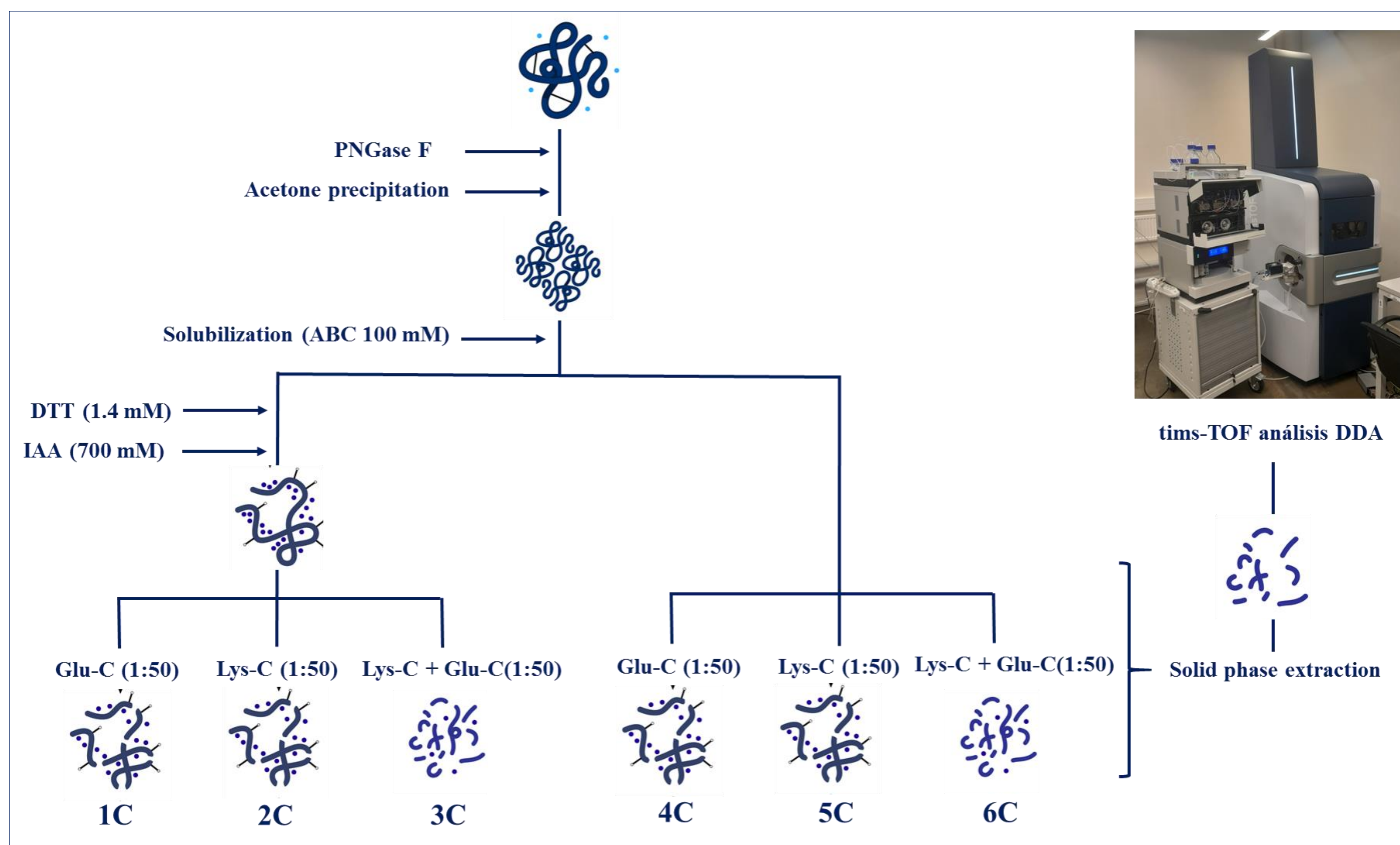
Edgar Rey Rodriguez Figueroa¹, Carlos Duarte Cano¹; Anna E. Bugrova²; María I. Indeykina⁴; Alexey S. Kononikhin³; Evgeny Nikolaev³; Vladimir Besada Pérez¹; Luis Javier González¹

1. Centro de Ingeniería Genética y Biotecnología (CIGB), Av. 31 N°15802 entre 158 y 190, Cubanacán, Playa, C.P. 11600, La Habana, Cuba.
2. Center for Molecular and Cellular Biology, Skolkovo Institute of Science and Technology (Moscow, Russia)
3. Project Center of Omics Technologies and Advanced Mass Spectrometry. (Moscow, Russia)
4. N.N. Semenov Federal Research Center for Physical Chemistry, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia.

1. INTRODUCCION (OBJETIVOS)

La peste porcina clásica (PPC) es una enfermedad vírica altamente contagiosa, asociada a elevada morbilidad y mortalidad en cerdos domésticos y silvestres. Su agente etiológico, el virus de la peste porcina clásica (VPPC), es un pestivirus envuelto (Flaviviridae). Dadas las severas pérdidas económicas en la porcicultura, se han desarrollado vacunas basadas en la glicoproteína estructural E2. Recientemente, se ensayó una vacuna de subunidades recombinantes que fusiona E2 con la molécula CD154 porcina (E2-CD154) como inmunomodulador. **Objetivos.** Identificar y caracterizar la estructura primaria de E2-CD154, incluyendo el mapeo de puentes disulfuro, la determinación de sitios de N- y O-glicosilación, y otras modificaciones postraduccionales (PTM).

2. METODOLOGÍA



4. CONCLUSIONES

1. La búsqueda en base de datos mediante PEAKS permitió identificar de forma inequívoca la proteína recombinante E2-CD154, alcanzando una cobertura de secuencia del 94%.
2. La proteína E2-CD154 fue identificada como la de mayor puntuación, en un tercer lugar también fue identificada la Q95MQ5/CD40L_PIG.

5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Lorenzo, E. y cols. Plasticity of the HEK-293 cells, related to the culture media, as platform to produce a subunit vaccine against classical swine fever virus. *AMB Expr* (2019) 9:139. <https://doi.org/10.1186/s13568-019-0864-8>.

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

KVLRGQVVQGVIVLLLVVTGAQGR^LACKEDFRYAISSTNEIGLL
GAEGLTTTWKDYDHNLOLDDG^TIKAI^CTAGSFKVIALNVVSRRYLASLHKGALPTSVTFELLFDGTSPSIEEMGDDFGF
GL^CPFDTSPVVKGRY^NTTLLNGSAFYLV^CPIGWTVGVE^CTAVSPPTTLRTEVVKTFRREKPFPHRKD^CVTTTVENEDLFY
^CRLGGNWT^CVKGEPVIYTGGLVKQ^CRW^CGFDFNEPDGLPHYPIGK^CILANETGYRIVDSTD^CNRNGVVISTEGSHE^CLI
GNTSVKVHALDERLGPMP^CRPKEIVSSEGPVRKTS^CTFNY^TKTLRNKYYEPRD^SYFQQYMLKGEYQYWF^LDLVDVTDHSD
YFTEDI^IHHHHHHSNSGGGSGGGSGGGSGKIEDERNLHEDFVFIKTIQ^RCKQGE^SLSLLN^CEEIRSQFEDLVKGIMQS
KEVKKKEKSFEMHKGDQDPQIAAHVISEA^SSKTASVLQWAPKGYITLSTNLVTLENGROLAVKROGIYYIYAQVTF^CSN
RDAAGQAPFIASL^CLRSPSGSERILLRAANTHSSSKP^CGQQSIHLGGVFELQPGASVFV^NVTDPSQVSHGTGFTSFGLL
KL

		PNGase F														
		DTT/IAA			Sin DTT/IAA											
		Glu-C	Lys-C	Lys-C/Glu-C	Glu-C	Lys-C	Lys-C/Glu-C									
Protein Group	Protein ID	Accession	-10lgP	Coverage (%)	Coverage (%) Sample 1	Coverage (%) Sample 2	Coverage (%) Sample 3	Coverage (%) Sample 4	Coverage (%) Sample 5	Coverage (%) Sample 6	Area Sample 1	Area Sample 2	Area Sample 3	Area Sample 4	Area Sample 5	Area Sample 6
1	1	E2CD154 E2-CD154_1	940.9	94	86	73	89	64	55	77	2.42e7	2.6e7	4e7	1.32e7	2.79e7	2.37e7
1	2	Q95MQ5 CD40L_PIG	813.02	79	76	58	74	66	49	63	1.51e7	1.74e7	1.06e7	9.64e6	1.9e7	9.34e6

Sequence Coverage								Disulfide Bonds		
#Peptides	#Unique	#Spec Sample 1	#Spec Sample 2	#Spec Sample 3	#Spec Sample 4	#Spec Sample 5	#Spec Sample 6	PTM	Avg. Mass	Description
853	500	2898	3281	5461	1387	2710	2371	Carbamidomethylation, Oxidation (M), Deamidation (NQ), Half of a disulfide bridge	72571.3359	user provided sequence-1
318	225	1327	1194	1591	875	1350	946	Carbamidomethylation, Deamidation (NQ), Half of a disulfide bridge, Oxidation (M)	28869.1191	CD40 ligand OS=Sus scrofa OX=9823 GN=CD40LG PE=2 SV=2