

## Introduction of an Efficient Multi-epitopic Vaccine Against Different SARS-CoV-2 Strains: Reverse Vaccinology

Sarvmeili Javad<sup>1</sup>, Baghban Kohnehrouz Bahram<sup>2\*</sup>, Gholizadeh Ashraf<sup>3</sup>, Ofoghi Hamideh<sup>4</sup>,  
Shanehbandi Dariush<sup>5</sup>

• Received: 6 Jul 2023

• Accepted: 25 Nov 2023

**Introduction:** In recent years, COVID-19 has been recognized as a health threat. Despite vaccination, people still get the disease because the new variants have mutations in their genomes that allow them to bind to host receptors and evade the immune system's responses. Therefore, the main aim of this study was to use bioinformatics tools to introduce a rapid and practical vaccine to fight against these diverse mutations in different SARS-CoV-2 strains.

**Method:** To epitopes mapping, 32 different spike protein variants were retrieved. We then used the Immune Epitope Database (IEDB), NetCTL, and NetMHCIIpan to predict T and B cell epitopes. The vaccine based on protected epitopes was evaluated in terms of antigenicity, allergenicity, toxicity, solubility, physicochemical properties, population coverage, and secondary structure with relevant servers. Modeling using Robetta and docking with Toll-like receptor (TLR3) were performed using Cluspro, PatchDock, and FireDock, respectively.

**Results:** After detailed evaluations, all the results confirmed the optimal quality of the vaccine. According to further investigations, this structure is similar to native proteins and there is a stable and strong interaction between the vaccine and the receptor. Based on molecular dynamics simulation, structural compactness and stability in binding were also observed. In addition, the immune simulation showed that the vaccine can stimulate immune responses similar to real conditions. Finally, codon optimization and in silico cloning confirmed efficient expression in *Escherichia coli*.

**Conclusion:** Based on the obtained results, the designed multi-epitope vaccine can serve as a prophylactic candidate against SARS-CoV-2.

**Keywords:** Dynamic Simulation, Immunoinformatics, Immune Simulation, Molecular Docking, Multi-epitope Vaccine

• **Citation:** Sarvmeili J, Baghban Kohnehrouz B, Gholizadeh A, Ofoghi H, Shanehbandi D. Introduction of an Efficient Multi-epitopic Vaccine Against Different SARS-CoV-2 Strains: Reverse Vaccinology. Journal of Health and Biomedical Informatics 2023; 10(3): 269-93. [In Persian] doi: 10.34172/jhbmi.2023.31

1. PhD Student in Agricultural Biotechnology, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

2. PhD in Molecular Biology and Biotechnology, Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

3. PhD in Biochemistry, Full Professor, Faculty of Natural Sciences and Research Center for Biosciences and Biotechnology (RCBB), University of Tabriz, Tabriz, Iran

4. PhD in Biotechnology, Associate Professor, Department of Biotechnology, Iranian Research Organization for Science and Technology, Tehran, Iran

5. PhD in Immunology, Assistant Professor, Department of Immunology, Immunology Research Center, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

\*Corresponding Author: Bahram Baghban Kohnehrouz

Address: Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

• Tel: 09144159661 • Email: [bahrambaghban.kr@tabrizu.ac.ir](mailto:bahrambaghban.kr@tabrizu.ac.ir)

© 2023 The Author(s); Published by Kerman University of Medical Sciences. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cite

## معرفی یک واکسن چند اپی توپی کارآمد در برابر سویه‌های مختلف SARS-CoV-2: واکسنولوژی معکوس

جواد سرومیلی<sup>۱</sup>، بهرام باغبان کهنه‌روز<sup>۲\*</sup>، اشرف قلی‌زاده<sup>۳</sup>، حمیده افقی<sup>۴</sup>، داریوش شانه‌بندی<sup>۵</sup>

• پذیرش مقاله: ۱۴۰۲/۹/۴

• دریافت مقاله: ۱۴۰۲/۴/۱۵

**مقدمه:** در سال‌های اخیر، COVID-19 به عنوان تهدیدی در زمینه سلامت شناخته شده است. با وجود واکسیناسیون هنوز هم افراد به این بیماری مبتلا می‌شوند چراکه واریانت‌های به‌روزتر دارای جهش‌هایی در ژنوم خود هستند که در اتصال به گیرنده‌های میزبان و فرار از پاسخ‌های سیستم ایمنی نقش دارند. از این رو مهم‌ترین هدف این مطالعه معرفی یک واکسن سریع و کاربردی به کمک ابزارهای بیوانفورماتیکی برای مقابله با این جهش‌های متنوع در سویه‌های مختلف SARS-CoV-2 است.

**روش:** به‌منظور نقشه‌برداری اپی توپ‌ها، پروتئین اسپایک ۳۲ واریانت مختلف بازبایی شد. سپس از (Immune Epitope Database) NetMHCIIpan و NetCTL، IEDB برای پیش‌بینی اپی توپ‌های سلول T و B استفاده شد. واکسن مبتنی بر اپی توپ‌های حفاظت‌شده از نظر آنتی‌ژنی، حساسیت‌زایی، سمیت، حلالیت، خواص فیزیکوشیمیایی، پوشش جمعیتی و ساختار ثانویه با سرورهای مربوطه بررسی شدند. مدل‌سازی به کمک Robetta و داکینگ با گیرنده شبه (TLR3) (Toll)، به ترتیب با استفاده از PatchDock، Cluspro، FireDock انجام شد.

**نتایج:** پس از ارزیابی‌های دقیق، تمامی نتایج کیفیت مطلوب واکسن را تأیید کردند. طبق بررسی‌های بیشتر این ساختار مشابه پروتئین بومی است و برهمکنشی پایدار و قوی بین واکسن و گیرنده وجود دارد. براساس شبیه‌سازی دینامیک مولکولی فشردگی ساختاری و پایداری در اتصال نیز مشاهده شد. علاوه بر این، شبیه‌سازی ایمنی نشان داد که واکسن می‌تواند پاسخ‌های ایمنی مشابه با شرایط واقعی را تحریک نماید. در نهایت، بهینه‌سازی کدون و شبیه‌سازی *in silico* بیان کارآمد در *Escherichia coli* را تأیید کرد.

**نتیجه‌گیری:** براساس نتایج به دست آمده واکسن چند اپی توپی طراحی شده می‌تواند به عنوان یک کاندیدای پیشگیری کننده در برابر SARS-CoV-2 عمل نماید.

**کلیدواژه‌ها:** شبیه‌سازی دینامیکی، ایمونوفورماتیک، شبیه‌سازی ایمنی، داکینگ مولکولی، واکسن چند اپی توپی

• **ارجاج:** سرومیلی جواد، باغبان کهنه‌روز بهرام، قلی‌زاده اشرف، افقی حمیده، شانه‌بندی داریوش. معرفی یک واکسن چند اپی توپی کارآمد در برابر سویه‌های مختلف SARS-CoV-2. *مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی* ۱۴۰۲؛ ۱۰(۳): ۲۶۹-۹۳. doi: 10.34172/jhbmi.2023.31

۱. دانشجوی دکتری بیوتکنولوژی کشاورزی، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

۲. دکتری بیولوژی مولکولی و بیوتکنولوژی، دانشیار، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

۳. دکتری بیوشیمی، استاد، دانشکده علوم طبیعی و مرکز تحقیقات علوم و فناوری زیستی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

۴. دکتری بیوتکنولوژی، دانشیار، گروه بیوتکنولوژی، سازمان پژوهش‌های علمی و صنعتی ایران، تهران، ایران

۵. دکتری ایمونولوژی، استادیار گروه ایمونولوژی، مرکز تحقیقات ایمونولوژی، دانشگاه علوم پزشکی تبریز، تبریز، ایران

\* **نویسنده مسئول:** بهرام باغبان کهنه‌روز

**آدرس:** ایران، تبریز، دانشگاه تبریز، دانشکده کشاورزی، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی

• **Email:** bahrambaghban.kr@tabrizu.ac.ir

• **شماره تماس:** ۰۹۱۴۴۱۵۹۶۶۱

## مقدمه

بیش از ۳ سال از شیوع ویروس SARS-CoV-2 می‌گذرد و اثرات منفی آن بر سلامت ذهنی و روانی بسیاری از افراد به ویژه کادر درمان، رسیدگی به بیماری‌های غیر کووید-۱۹ و همچنین اقتصاد بسیاری از کشورها بر کسی پوشیده نیست [۱]. در مجموع تا آوریل ۲۰۲۳، بیش از ۶۸۸ میلیون نفر به این بیماری مبتلا شده‌اند که از این تعداد بیش از ۶ میلیون نفر در سراسر جهان فوت شده‌اند. همچنین براساس آمارهای ثبت شده، از زمان شروع واکسیناسیون بر علیه این بیماری بیش از ۱۳ میلیارد دوز واکسن تزریق شده است [۲]. هرچند به لطف فاصله‌گذاری اجتماعی و عرضه واکسن‌های کارآزمایی شده در بیشتر کشورها، شیوع ویروس به شدت کاهش یافته است، اما با این حال، ظهور چندین واریانت جدید سبب شیوع مجدد، افزایش نگرانی‌ها و یادآوری به جهان برای ادامه تلاش‌ها به منظور یافتن روش‌های پیش‌گیری و درمانی جدیدتر و مؤثرتر شده است [۳].

گلیکوپروتئین اسپایک (S) یک پروتئین ساختاری است که در سطح ویروس SARS-CoV-2 قرار می‌گیرد و ورود ویروس به داخل سلول میزبان را تسهیل می‌کند. طبق گزارش‌ها این پروتئین دارای آنتی‌ژنی و ایمنی‌زایی قابل قبولی است و بر روی آن توالی‌های مشخصی از اسید آمینه‌ها وجود دارند که با گیرنده آنزیم مبدل آنژیوتانسین ۲ (ACE-2) برای آلوده کردن میزبان انسانی ارتباط برقرار می‌کنند [۴]. اهمیت تریمر S در طول عفونت و بیماری‌زایی، آن را به یک هدف ایده‌آل برای آنتی‌بادی‌های خنثی‌کننده (Abs) و طراحی واکسن تبدیل کرده است [۵]. با این حال توالی آن در برخی نواحی به ویژه RBD و NTD مستعد بروز انواع جهش‌ها است. پیش‌بینی می‌شود بیشتر این جهش‌ها یا مضر باشند و به سرعت حذف شوند یا نسبتاً خنثی باشند، بنابراین تعداد کمی از آن‌ها ممکن است عفونت‌زایی، شدت بیماری، تعامل با میزبان، پاسخ سیستم ایمنی و دفاع آنتی‌بادی در زمان انتقال از انسان به انسان و رویدادهای انتشار بین انسان و حیوان را تغییر دهند [۶].

از آنجایی که توالی ژنوم و پروتئوم SARS-CoV-2 به سرعت در دسترس قرار می‌گیرد، واکسن‌هایی که مبتنی بر اپی‌توپ‌های حفاظت‌شده در پاتوژن‌های متغیر یا به سرعت در حال جهش هستند، می‌توانند نقش مهمی در مدیریت این بیماری همه‌گیر داشته باشند [۷]. پیش‌بینی سریع اپی‌توپ‌های ایمنی‌زا بر پیش‌بینی‌های محاسباتی متمرکز است که کاملاً وابسته به الگوریتم‌های پیشرفته و افزایش داده‌های موجود در پایگاه داده

اپی‌توپ‌ها است. همزمان با شناخت بیشتر در مورد پاسخ‌های ایمنی میزبان و پیشرفت‌های انجام شده در زمینه ابزارهای ایمونوفورماتیک، تحولات گسترده‌ای نیز در زمینه طراحی واکسن علیه بیماری‌های نوظهور در شرایط *in silico* صورت گرفته است [۸]. تاکنون تحقیقات متعددی با هدف استفاده مجدد از داروهای ضدویروسی، تولید داروهای کارآمد و معرفی واکسن‌های به‌روز بر علیه ویروس SARS-CoV-2 در سراسر جهان انجام شده است [۹]. در این مطالعه، رویکرد اصلی ما غربال و شناسایی اپی‌توپ‌های کاملاً مشترک از پروتئین اسپایک واریانت‌های مختلف SARS-CoV-2 و سپس استفاده از روش‌های ایمونوفورماتیک، مدل‌سازی و شبیه‌سازی برای طراحی یک واکسن چند اپی‌توپی سریع با قابلیت تحریک سیستم ایمنی همراه با پاسخ‌های ایمنی مربوطه است. در واقع هدف این تحقیق معرفی یک واکسن کاندید چند اپی‌توپی حفاظت‌شده در مقابله با جهش‌های پی در پی سویه‌های مختلف این بیماری است که به دلیل برخورداری از توالی‌های کوتاه (اپی‌توپ‌ها) پاسخ‌های ایمنی مناسبی را فراهم می‌کند و از اضافه بار آنتی‌ژن و پاسخ‌های آلرژیک در میزبان جلوگیری می‌نمایند. همچنین این واکسن در مقایسه با واکسن‌های سنتی این توانایی را دارد که هم پاسخ ایمنی هومورال و هم سلولی را به دلیل وجود هر دو نوع اپی‌توپ سلول‌های T و B ایجاد نماید.

## روش

## بازیابی توالی پروتئین اسپایک سویه‌های مختلف

توالی‌های پروتئین ساختاری اسپایک ۳۲ سویه مختلف از SARS-CoV-2 شامل واریانت‌های Wuhan-Hu-1 [۵]، B.1.1.7 (آلفا)، B.1.351 (بتا)، P.1 (گاما)، B.1.617.2 (دلتا)، B.1.1.529 (امیکرون)، BA.1 (امیکرون)، BA.2 (امیکرون)، BA.2.12.1 (امیکرون)، BA.2.75 (امیکرون)، BA.4 (امیکرون)، BA.5 (امیکرون)، BQ.1.1 (امیکرون)، XBB.1.5 (امیکرون)، B.1.1.318، B.1.1.519، B.1.1.523، B.1.214.2، B.1.427 یا B.1.429 (ایپیلون)، B.1.466.2، B.1.525، B.1.526 (یوتا)، B.1.617.1 (کاپا)، B.1.617.3، B.1.619 یا B.1.619.1، B.1.620، B.1.621 (مو)، C.1.2، C.37 (لامبدا)، C.36.3 یا C.36.3.1، P.2 (زتا) و R.1 می‌شوند، از پایگاه داده مرکز ملی اطلاعات زیست‌فناوری (National Center for Biotechnology Information; NCBI) مرکز منابع

سرورهای Net MHC II pan 3.2 و IEDB برای آل‌های HLA کلاس II انسانی که شامل آل‌های مختلف HLA-DR، HLA-DP و HLA-DQ می‌شوند، پیش‌بینی شدند [۱۶]. در Net MHC II اپی‌توپ‌ها براساس درجه‌بندی صدک تعیین شده که به ترتیب ۲، ۱۰ و بیشتر از ۱۰٪ هستند، به عنوان قوی، متوسط و غیرچسبنده طبقه‌بندی شدند. همچنین در سرور IEDB از روش SMM-align (NetMHCII 1.1) برای پیش‌بینی این گروه از اپی‌توپ‌ها استفاده شد [۱۱]. در این مطالعه، اپی‌توپ‌هایی که IC<sub>50</sub> کمتر از ۲۰۰ nM و رتبه صدک  $\geq 2$  داشتند و توسط چندین آل به وسیله هر دو روش پیش‌بینی شده بودند، به عنوان متصل شونده‌های قوی در نظر گرفته شده و برای تجزیه و تحلیل بیشتر مورد بررسی قرار گرفتند. همچنین با استفاده از سرورهای IL4pred، IFNepitope [۱۷] و IL10pred [۱۸]، اپی‌توپ‌های HTL که به طور خاص القاکننده‌ی اینترفرون (IFN)، اینترلوکین-۴ (IL-4) و اینترلوکین-۱۰ (IL-10) هستند، ارزیابی شدند. از سرور VaxiJen برای محاسبه میزان آنتی‌ژنی اپی‌توپ‌ها استفاده شد [۱۲]. اپی‌توپ‌های آنتی‌ژنی که غیر سمی و غیر حساسیت‌زا بودند نیز توسط سرورهای ToxinPred و AllerTOP 2.0 انتخاب شدند [۱۹].

**پیش‌بینی و ارزیابی اپی‌توپ‌های سلول B خطی (LBL)**  
از دو سرور BCPreds [۲۰] و BepiPred [۲۱] برای پیش‌بینی اپی‌توپ‌های سلول B خطی یا پیوسته (LBL) استفاده شد. پس از بررسی و مقایسه همه اپی‌توپ‌های پیش‌بینی‌شده توسط این سرورها، اپی‌توپ‌های مشترک و همپوشان انتخاب شدند. آنتی‌ژنی اپی‌توپ‌های LBL احتمالی با استفاده از سرور VaxiJen ارزیابی شد و سپس حساسیت‌زایی و سمیت اپی‌توپ‌های آنتی‌ژنی با استفاده از سرور AllerTOP 2.0 و ToxinPred مورد بررسی قرار گرفت [۱۹].

**هم‌ردیفی چندگانه و انتخاب اپی‌توپ‌های کاملاً حفاظت شده**

پس از هم‌ردیفی چندگانه توالی‌های پروتئین اسپایک سویه‌های مختلف به منظور تعیین محل تغییرات صورت گرفته از قبیل حذف، اضافه و جایگزینی با استفاده از ClustalW [۲۲] ارائه شده توسط نرم‌افزار MEGA X [۲۳]، اپی‌توپ‌های CTL، HTL و LBL پیش‌بینی شده با نتیجه این هم‌ترازی منطبق شدند. در نهایت اپی‌توپ‌هایی که در تمامی سویه‌ها بدون تغییر بودند به عنوان اپی‌توپ‌های کاملاً حفاظت شده برای قرار

بیوانفورماتیک باکتریایی و ویروسی (Bacterial and Viral Bioinformatics Resource Center (BV-BRC) ; و ViralZone از Expasy در قالب FASTA بازیابی شدند.

### پیش‌بینی و ارزیابی اپی‌توپ‌های سلول T کشنده (CTL)

در این مطالعه، پس از بررسی‌های هم‌ردیفی اولیه، پروتئین اسپایک ویروس Wuhan-Hu-1 به عنوان توالی مرجع برای طراحی اپی‌توپ‌ها به کار گرفته شد. با استفاده از سرورهای Immune Epitope Database [۱۰] و NetCTL 1.2 (IEDB) [۱۱]، اپی‌توپ‌های CTL به طول ۹ باقی‌مانده پیش‌بینی شدند. در سرور NetCTL، ۱۲ سوپرتایپ اصلی A1، A2، A3، A24، A26، B7، B8، B27، B39، B44، B58 و B62 سازگاری بافتی کلاس I (MHC I) که به طور معمول در جمعیت‌های انسانی رخ می‌دهند، در نظر گرفته شد. همچنین در پیش‌بینی اپی‌توپ‌ها با این سرور، برای سه فاکتور کارایی انتقال‌دهنده TAP، برش پروتئازومی C ترمینال و پپتیدهای متصل‌شونده به MHC کلاس I، به ترتیب آستانه‌های پیش‌فرض ۰/۱۵، ۰/۰۵ و ۰/۷۵ تعیین شدند. علاوه بر این مجموعه دیگری از اپی‌توپ‌ها برای تمامی آل‌های HLA کلاس I توسط سرور IEDB با روش ماتریس تثبیت شده (SMM) شناسایی و پیش‌بینی شدند. اپی‌توپ‌های با رتبه صدک  $\geq 2$ ، IC<sub>50</sub> کمتر از ۲۰۰ nM و رده‌بندی (rank) بالا مورد بررسی قرار گرفتند و به عنوان متصل شونده‌های قوی در نظر گرفته شدند. براساس نتایج به دست آمده از هر دو سرور NetCTL 1.2 و IEDB، اپی‌توپ‌های مشترکی که توسط چندین آل پیش‌بینی شدند و از نظر شاخص‌های مورد نظر مطلوب بودند، برای تجزیه و تحلیل بیشتر انتخاب شدند. آنتی‌ژن بودن این اپی‌توپ‌ها از طریق سرور VaxiJen مورد ارزیابی قرار گرفت [۱۲]. علاوه بر این، پیش‌بینی ایمنی‌زایی اپی‌توپ‌های CTL با استفاده از منابع آنالیز IEDB انجام شد. این ابزار ایمنی‌زایی را به صورت مقادیر مثبت و منفی نشان می‌دهد که در واقع اپی‌توپ‌های ایمنی‌زا مثبت هستند و برای مطالعات بیشتر انتخاب شدند [۱۳]. همچنین سرورهای AllerTOP 2.0 [۱۴] و Toxinpred [۱۵] نیز به ترتیب برای تعیین حساسیت‌زایی و سمیت اپی‌توپ‌های ایمنی‌زا مورد استفاده قرار گرفتند.

### پیش‌بینی و ارزیابی اپی‌توپ‌های سلول T کمک کننده (HTL)

از طرفی اپی‌توپ‌های HTL نیز به طول ۱۵ باقی‌مانده توسط

ادجوانت  $\beta$ -defensin [30] به واسطه لینکر EAAAK، در N ترمینال سازه واکسن قرار گرفت. علاوه بر این اپی‌توپ PADRE هنگامی که با این ادجوانت همراه می‌شود، پاسخ مؤثری ارائه می‌دهد [31]. در نهایت H5E (HEHEHEHEH) به عنوان برچسب با لینکر RVRV به C ترمینال ساختار واکسن اضافه شد.

### پیش‌بینی آنتی‌ژنی، حساسیت‌زایی، سمیت و خواص فیزیکی‌شیمیایی سازه واکسن

سرورهای VaxiJen 2.0 با مقدار آستانه 0/4 در دسته ویروسی [12] و ANTIGENpro [32] با آستانه بالاتر از 0/8 برای پیش‌بینی آنتی‌ژنی ساختار نهایی واکسن به کار گرفته شدند. برای بررسی حساسیت‌زایی نیز از دو سرور AllergenFP 1.0 [14] و AllerTOP 2.0 [33] استفاده شد. همچنین ابزار آنالین ToxinPred برای ارزیابی سمی بودن یا نبودن واکسن طراحی شده مورد استفاده قرار گرفت [15]. از طرفی برای درک ماهیت اساسی ساختار واکسن، ویژگی‌های فیزیکی‌شیمیایی آن با استفاده از سرور ProtParam پیش‌بینی شدند [34]. علاوه بر این، حلالیت توسط دو سرور Protein-sol [35] و SolPro [36] ارزیابی شد. وجود ماریچ‌های غشایی و پپتیدهای سیگنال در ساختار واکسن نیز به ترتیب توسط سرور TMHMM v2.0 [37] و SignalP4.1 [38] مورد بررسی قرار گرفت.

### پیش‌بینی ساختار ثانویه

برای ارزیابی ساختار ثانویه توالی واکسن چند اپی‌توپی از سرورهای PSIPRED v4.0 (PSI-blast based) [39] و SOPMA (secondary structure prediction) [39] و Self-Optimized Prediction Method with Alignment) [40] با پارامترهای پیش‌فرض استفاده شد. در SOPMA پس از وارد کردن توالی واکسن، پارامترهای عرض خروجی، تعداد حالت‌های فضایی، آستانه تشابه و عرض پنجره به ترتیب بر روی مقادیر 70، 4 (Helix,  $\beta$ -sheet, turn و coil)، 8 و 17 تنظیم شدند.

### مدل‌سازی، پالایش و اعتبارسنجی ساختار سه بعدی

ساختار سوم واکسن طراحی شده به منظور درک بهتر عملکرد بیولوژیکی آن با استفاده از ابزار وب Robetta پیش‌بینی شد [41]. سپس از وب سرور GalaxyRefine برای اصلاح مدل سه بعدی ارائه شده توسط سرور پیش‌بینی کننده ساختار سوم استفاده شد [42]. این سرور از طریق بازسازی مجدد زنجیره‌های جانبی و پایدارسازی ساختار به وسیله شبیه‌سازی دینامیک

گرفتن در ساختار نهایی واکسن انتخاب شدند [24].

### پیش‌بینی پوشش جمعیتی، محاسبه حفاظت‌شدگی اپی‌توپ‌ها و شناسایی خود ایمنی

از آنجایی که SARS-CoV-2 یک بیماری همه‌گیر جهانی است، بایستی پوشش جمعیتی اپی‌توپ‌های CTL و HTL انتخاب شده در واکسن طراحی شده به صورت جداگانه و ترکیبی مورد مطالعه قرار گیرد که این امر با ابزار پوشش جمعیت IEDB برای مناطق مختلف جهان بررسی شد [25]. از طرفی دیگر، ارزیابی حفاظت‌شدگی هر اپی‌توپ نیز توسط منبع تجزیه و تحلیل IEDB انجام گرفت [26]. علاوه بر این، با انجام BLASTp علیه پروتئوم انسانی برای پایگاه داده Uniprot، وجود شباهت بین اپی‌توپ‌های انتخاب شده با پروتئین‌ها و احتمال خودایمنی، ارزیابی شد. به طوری که هر اپی‌توپ از واکسن که دارای همسانی برابر یا بالاتر از 35 درصد بود، به عنوان پروتئین همولوگ با پروتئوم انسانی در نظر گرفته شده و حذف گردید [27].

### طراحی واکسن چند اپی‌توپی

در این مطالعه برای یافتن اپی‌توپ‌های مناسب از میان اپی‌توپ‌های متعدد پیش‌بینی شده جهت معرفی واکسن، یک روش همپوشانی برای جلوگیری از انتخاب اپی‌توپ‌های تکراری تعیین شد. همچنین اپی‌توپ‌های مورد استفاده برای ساخت واکسن بر اساس معیارهایی مانند آنتی‌ژن بودن، غیرسمی بودن، عدم حساسیت‌زایی، خاصیت القای سیتوکین (فقط برای اپی‌توپ‌های HTL)، استقرار در سطح پروتئین هدف (در مورد اپی‌توپ‌های سلول B)، حفاظت‌شدگی، برهمکنش آلی زیاد، پوشش جمعیتی بالا و عدم همپوشانی با ژن‌های انسانی برای قرار گرفتن در ترکیب نهایی واکسن انتخاب شدند [28]. سازه حاصل متشکل از 398 باقی‌مانده اسید آمینه است که شامل 7 اپی‌توپ CTL، 5 اپی‌توپ HTL، 2 اپی‌توپ القاکننده سیتوکین‌ها (IL-4، IFN- $\gamma$  و IL-10)، 7 اپی‌توپ LBL و اپی‌توپ عمومی PADRE (Pan HLA-DR reactive) (epitope) می‌شود. در ساختار این واکسن کاندید، اپی‌توپ‌های CTL به واسطه لینکر AAY (Ala-Ala-Tyr)، اپی‌توپ‌های HTL از طریق لینکر GPGPG (Gly-Pro-Gly-Pro-) و اپی‌توپ‌های LBL با لینکرهای KK (Lys-Lys) به هم متصل شدند [29]. همچنین لینکر HEYGAEALERAG برای اتصال دو گروه اپی‌توپی CTL و HTL به کار گرفته شد. برای تقویت پاسخ ایمنی نیز

مولکولی، مدل‌های اصلاح شده در مقایسه با مدل اولیه ارسال شده به آن را از نظر امتیاز GDT-HA، امتیاز RMSD، امتیاز Molprobity، امتیاز برخورد و نمودار رامچاندرا ارزیابی می‌کند. همچنین اعتبارسنجی مدل انتخابی از بین مدل‌های ارائه شده توسط GalaxyRefine، با استفاده از وب سرور ProSA [۴۳] و سرور SAVES v6.0 انجام شد. زیر مجموعه‌های ERRAT [۴۴]، VERIFY3D [۴۵]، PROVE [۴۶]، PROCHECK [۴۷] و WHATCHECK [۴۸] که از طریق SAVES v6.0 در اختیار کاربران قرار می‌گیرد، کیفیت ساختاری و انواع پارامترهای استریوشیمیایی مدل مورد نظر را تعیین می‌کنند. در این مطالعه از سرور PDBsum برای ارائه نمودار رامچاندرا استفاده شد [۴۹] و مدل نهایی سازه واکسن نیز با استفاده از نرم‌افزار PyMOL v2.5.4 ترسیم گردید [۵۰].

### شبیه‌سازی دینامیک مولکولی

برای شروع شبیه‌سازی دینامیک مولکولی (MD)، از فایل pdb کمپلکس واکسن-گیرنده ایمنی به دست آمده از فرایند داکینگ، استفاده شد. در این جا از سرور iMODS [۵۵] که ابزار مفیدی برای مطالعه دینامیک مولکولی است، به منظور بررسی پایداری این کمپلکس پروتئینی تشکیل شده استفاده شد. این رویکرد با مطالعه ساختار، عملکرد و اساس فیزیکی نسبت داده شده به مولکول‌های بیولوژیکی، پایداری یک مجموعه را مورد بررسی قرار می‌دهد. برای تعیین حرکت پروتئین کل در جهت‌های داخلی و براساس تجزیه و تحلیل حالت عادی (NMA)، این سرور مقادیر ویژه، تغییر شکل پذیری، فاکتورهای B، کوواریانس و مدل شبکه الاستیک را ارائه می‌دهد [۵۶].

### بهینه‌سازی کدون و شبیه‌سازی *in silico*

برای ترجمه معکوس توالی واکسن به cDNA و بهینه‌سازی کدون، از ابزار آنلاین Jcat [۵۷] استفاده شد. کل عملیات با اجتناب از سه معیار مکان‌های برشی آنزیم‌های محدود کننده، محل‌های اتصال ریبوزوم پروکاریوتی و خاتمه رونویسی مستقل از rho برای سویه پرکاربرد K12 باکتری *E. coli* به عنوان میزبان انجام شد [۵۸]. سپس توالی دریافت شده براساس مقدار شاخص سازگاری کدون (CAI) [۵۹] و محتوای گوانین-سیتوزین (GC) [۶۰] ارزیابی گردید. در نهایت، توالی نوکلئوتیدی سازگار شده برای شبیه‌سازی *in silico* در وکتور pET-30a (+) با نرم‌افزار SnapGene 6.2 در محل مکان‌های برشی آنزیم‌های محدودکننده (AAGCTT) HindIII و BamHI (GGATCC) کلون شد تا از بیان آن در شرایط آزمایشگاهی اطمینان حاصل شود [۶۱].

### شبیه‌سازی سیستم ایمنی

به منظور توصیف و اعتبارسنجی پاسخ‌های سیستم ایمنی (هومورال و سلولی) ایجاد شده توسط واکسن چند اپی‌توپی، شبیه‌سازی ایمنی در *in silico* با استفاده از سرور C-IMMSIM انجام شد. این سرور از ماتریس‌های امتیازدهی

مولکولی، مدل‌های اصلاح شده در مقایسه با مدل اولیه ارسال شده به آن را از نظر امتیاز GDT-HA، امتیاز RMSD، امتیاز Molprobity، امتیاز برخورد و نمودار رامچاندرا ارزیابی می‌کند. همچنین اعتبارسنجی مدل انتخابی از بین مدل‌های ارائه شده توسط GalaxyRefine، با استفاده از وب سرور ProSA [۴۳] و سرور SAVES v6.0 انجام شد. زیر مجموعه‌های ERRAT [۴۴]، VERIFY3D [۴۵]، PROVE [۴۶]، PROCHECK [۴۷] و WHATCHECK [۴۸] که از طریق SAVES v6.0 در اختیار کاربران قرار می‌گیرد، کیفیت ساختاری و انواع پارامترهای استریوشیمیایی مدل مورد نظر را تعیین می‌کنند. در این مطالعه از سرور PDBsum برای ارائه نمودار رامچاندرا استفاده شد [۴۹] و مدل نهایی سازه واکسن نیز با استفاده از نرم‌افزار PyMOL v2.5.4 ترسیم گردید [۵۰].

### شناسایی اپی‌توپ‌های سلول B ناپیوسته

از سرور ElliPro برای پیش‌بینی اپی‌توپ‌های سلول B ناپیوسته در ساختار نهایی مدل سه بعدی واکسن طراحی شده استفاده گردید [۵۱]. در این سرور پارامترهای حداقل امتیاز و حداکثر فاصله (برحسب آنگستروم)، به ترتیب بر روی مقادیر ۰/۵ و ۶ تنظیم شدند.

### داکینگ مولکولی سازه واکسن با گیرنده TLR3

برای بررسی برهمکنش‌های بین ساختار واکسن و گیرنده تشخیص آنتی‌ژن با هدف تعیین پایداری و تمایل اتصال کمپلکس تشکیل شده، از آنالیز داکینگ مولکولی استفاده شد. در این مطالعه برای داکینگ مولکولی، فایل pdb گیرنده ایمنی شبه تول ۳ (TLR3) که یک پروتئین انسانی مهم برای شناسایی پاتوژن و پاسخ ایمنی است، با شناسه 2A0Z از بانک داده‌های پروتئینی بازبایی و در ادامه تمام مولکول‌های آب و لیگاند‌های متصل به این ساختار حذف شدند. سپس این گیرنده پروتئینی با مدل نهایی واکسن ساخته شده به ClusPro 2.0 ارائه گردید. این سرور مدل‌ها را براساس برهمکنش‌های الکترواستاتیک و انرژی حلال‌زدایی محاسبه می‌کند [۵۲]. در ادامه برای تأیید میل اتصال واکسن طراحی شده با گیرنده مورد نظر، از PatchDock برای داکینگ مجدد استفاده شد. این سرور به کمک سه الگوریتم نمایش شکل مولکولی، تطبیق قطعه سطحی، فیلتر کردن و امتیازدهی کمپلکس‌های ممکن را پیش‌بینی می‌کند [۵۳]. برای انتخاب بهترین ساختار کمپلکس واکسن-TLR، کمترین امتیاز انرژی اتصال با رتبه برتر مدنظر قرار گرفت. پس از به دست آوردن خروجی از سرور PatchDock، کمپلکس‌ها توسط



اپی توپ CTL و ۱۵ اپی توپ HTL به عنوان بهترین‌ها غربال شدند. همچنین پس از بررسی القاپذیری  $\gamma$ -IFN، IL-4 و IL-10 با استفاده از سرورهای IFNepitopes، IL4pred و IL10pred، به طور مشترک دو اپی توپ وجود داشتند که تمام معیارها را برآورده می‌کردند. در نهایت اپی توپ‌های سلول T برگزیده که در ساختار واکسن نهایی به کار برده شده‌اند، در جدول‌های ۱، ۲ و ۳ لیست شده‌اند.

اتصال قوی پیش‌بینی کرد. پس از بررسی مشخص شد که همین اپی توپ‌ها نیز توسط IEDB برای آل‌هایی که در این سرور هستند به عنوان اپی توپ‌های برتر پیشنهاد شده بودند که این موضوع به نوعی تصدیق کننده اپی توپ‌های پیش‌بینی شده از طریق هر دو سرور است. براساس معیارهای آنتی‌ژنی، حساسیت‌زایی، سمیت و از همه مهم‌تر ۱۰۰٪ حفاظت‌شدگی در پروتئین‌های S همه سویه‌های SARS-CoV-2 مورد نظر، از بین این اپی توپ‌های CTL و HTL پیش‌بینی شده، ۱۷

جدول ۱: اپی توپ‌های CTL سازه نهایی واکسن، پیش‌بینی شده توسط سرورهای NetCTL و IEDB

حساسیت‌زایی	آنتی‌ژنی	ایمنی‌زایی	امتیاز پیش‌بینی	میل انتقال از ناقل Tap	میل برش C ترمینال	میل اتصال به MHC	سوپرتایپ‌ها و آل‌های HLA کلاس I	اپی توپ‌ها (موقعیت در پروتئین S)
غیر حساسیت‌زا	۰/۵۵۹۳ (آنتی‌ژن)	۰/۱۱۷۶	۱/۰۴۲۷	۲/۳۹۳۰	۰/۹۷۶۱	۰/۴۰۲۶	B7, HLA-B*35:01, HLA-A*32:07, HLA-B*15:03, HLA-B*40:13, HLA-C*12:03, HLA-A*32:15, HLA-A*68:23, HLA-B*42:01, HLA-B*27:20, HLA-B*53:01, HLA-C*03:03	LPFNDGVYF (۸۴-۹۲)
غیر حساسیت‌زا	۰/۸۱۵۷ (آنتی‌ژن)	۰/۰۴۰۲	۰/۹۷۸۷	۰/۷۹۳۰	۰/۹۶۰۱	۰/۲۹۹۱	B27, HLA-B*27:20, HLA-C*12:03, HLA-A*68:23, HLA-A*32:07, HLA-C*05:01, HLA-C*08:02, HLA-B*40:13, HLA-A*32:15	ARDLICAQK (۱۶۸-۱۷۶)
غیر حساسیت‌زا	۰/۲۱۲۹ (آنتی‌ژن)	۰/۳۱۵۵	۱/۳۲۸۱	۲/۷۸۲۰	۰/۹۶۶۱	۰/۵۲۵۹	A1, B62, HLA-B*27:20, HLA-A*32:07, HLA-C*03:03, HLA-A*68:23, HLA-C*12:03, HLA-C*14:02, HLA-B*15:02, HLA-C*07:02, HLA-B*40:13, HLA-A*32:15	QLTPTWRVY (۴۹۰-۴۹۸)
غیر حساسیت‌زا	۱/۰۲۸۱ (آنتی‌ژن)	۰/۰۳۱۳	۱/۸۷۸۶	۲/۳۱۹۰	۰/۹۷۱۸	۰/۷۵۹۳	A24, HLA-C*14:02, HLA-A*32:07, HLA-B*27:20, HLA-A*24:03, HLA-A*23:01, HLA-C*12:03, HLA-C*07:02, HLA-A*68:23, HLA-A*32:15, HLA-B*42:01, HLA-B*15:02, HLA-A*24:02	PYRVVLSF (۵۰۷-۵۱۵)
غیر حساسیت‌زا	۰/۵۷۸۱ (آنتی‌ژن)	۰/۲۸۱۵	۱/۲۴۵۱	۰/۵۲۲۰	۰/۹۴۸۲	۰/۵۷۲۰	A3, HLA-A*32:07, HLA-C*03:03, HLA-A*68:23, HLA-B*27:20, HLA-A*11:01, HLA-A*68:01, HLA-C*12:03, HLA-B*40:13, HLA-A*03:01	TLADAGFIK (۸۲۷-۸۳۵)
غیر حساسیت‌زا	۱/۵۱۲۲ (آنتی‌ژن)	۰/۱۲۷۸	۱/۰۳۰۴	۰/۵۹۷۰	۰/۸۱۲۲	۰/۵۸۹۵	A2, HLA-A*68:23, HLA-C*12:03, HLA-C*06:02, HLA-A*02:03, HLA-A*02:11, HLA-B*27:20, HLA-A*32:07, HLA-A*02:06, HLA-A*02:50, HLA-C*07:01, HLA-A*02:16, HLA-B*40:13, HLA-A*02:01, HLA-A*02:02, HLA-A*68:02, HLA-A*02:19, HLA-A*32:15, HLA-C*14:02	VVFLHVTYV (۱۰۶۰-۱۰۶۸)
غیر حساسیت‌زا	۰/۹۶۷۳ (آنتی‌ژن)	۰/۴۲۵۲	۰/۸۲۹۲	۰/۹۴۲۰	۰/۸۰۶۶	۰/۲۹۳۴	B58, HLA-C*12:03, HLA-A*32:07, HLA-B*27:20, HLA-A*02:50, HLA-A*68:23, HLA-B*40:13, HLA-A*32:15, HLA-C*03:03	YIKWPWYIW (۱۲۰۹-۱۲۱۷)

جدول ۲: اپی توپ‌های HTL سازه نهایی واکسن، پیش‌بینی شده توسط سرورهای IEDB و NetMHC II pan 3.2

سمیت	حساسیت‌زایی	آنتی ژنی	آل‌های HLA کلاس II	اپی توپ‌ها (موقعیت در پروتئین S)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۰/۷۵۶۳ (آنتی ژن)	HLA-DRB1*01:01, HLA-DRB1*04:01	YQTSNFRVQPTESIV (۳۱۳-۳۲۷)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۰/۷۹۳۵ (آنتی ژن)	HLA-DQA1*05:01/DQB1*03:01	CDPIGAGICASYQT (۶۶۲-۶۷۶)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۱/۲۱۳۶ (آنتی ژن)	HLA-DRB1*07:01	NFTISVTTEILPVSM (۷۱۷-۷۳۱)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۰/۵۸۳۱ (آنتی ژن)	HLA-DRB1*04:05, HLA-DRB1*01:01, HLA-DRB1*04:04, HLA-DRB1*04:01	FNFSQILPDPSPKPSK (۸۰۰-۸۱۴)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۱/۳۰۲۵ (آنتی ژن)	HLA-DRB1*04:04	MQMAYRFNGIGVTQN (۹۰۰-۹۱۴)

جدول ۳: اپی توپ‌های مشترک IFN- $\gamma$ ، IL-4 و IL-10 سازه‌ی نهایی واکسن، پیش‌بینی شده توسط سرورهای IL4pred، IFNepitopes و IL10pred

سمیت	حساسیت‌زایی	آنتی ژنی	اینترولوکین-۱۰	اینترولوکین-۴	اینتروفرون-گاما	اپی توپ‌ها (موقعیت در پروتئین S)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۰/۸۶۱۸ (آنتی ژن)	الفاکننده	الفاکننده	مثبت	VVLSFELLHAPATVC (۵۱۴-۵۲۸)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۱/۱۵۴۱ (آنتی ژن)	الفاکننده	الفاکننده	مثبت	QYIKWPWYIWLGFIA (۱۲۱۱-۱۲۲۵)

اپی توپ برای حضور در ساختار نهایی واکسن از بین این ۱۰ مورد انتخاب شدند. همچنین براساس نتایج به دست آمده از سرور ElliPro، ۵ اپی توپ فضایی سلول B از مدل سه بعدی تصفیه شده پیش‌بینی شدند (شکل ۲) که شامل ۱۹۸ باقی‌مانده با امتیازهای بین ۰/۸۰۲ و ۰/۶۲ هستند. اطلاعات جزئی شامل باقی‌مانده‌های اسید آمینه، محل توالی، تعداد باقی‌مانده‌ها و امتیازات آن‌ها در جدول ۵ ارائه شده است.

### پیش‌بینی اپی توپ سلول B خطی و فضایی (ایمنی هومورال)

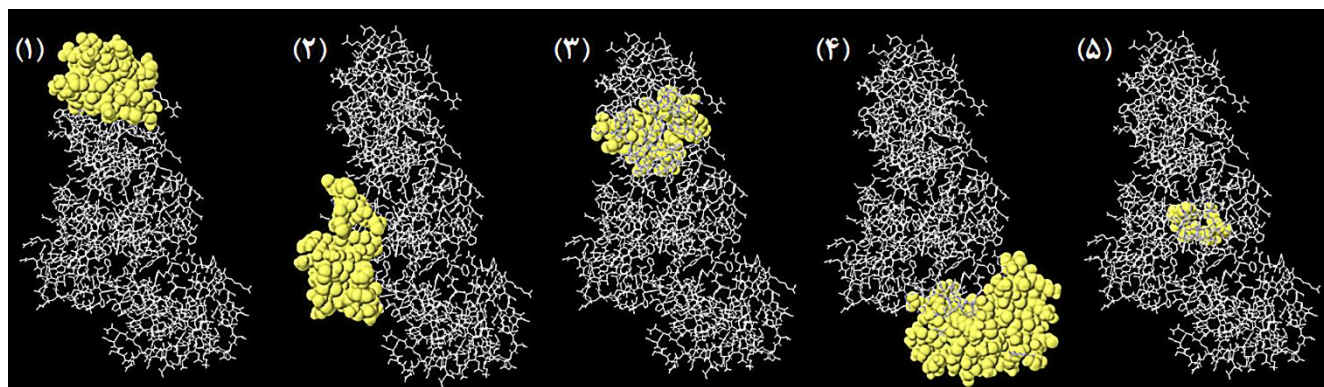
پس از ارزیابی دقیق نتایج سرورهای پیش‌بینی کننده اپی توپ‌های سلول B خطی (LBL) و با در نظر گرفتن اشتراکات نتایج آن‌ها، در مجموع ۲۷ اپی توپ پیش‌بینی شد. براساس معیارهای نمره اتصال، آنتی ژنی، حساسیت‌زایی، سمیت، انعطاف‌پذیری، آب دوستی، دسترسی به سطح و حفاظت شدگی کامل، ۱۰ اپی توپ برای پروتئین S به دست آمد (جدول ۴). ۷

جدول ۴: اپی توپ‌های سلول B خطی به کار گرفته شده در ساختار واکسن

سمیت	حساسیت‌زایی	آنتی ژن	اپی توپ‌های خطی ( موقعیت در پروتئین S )
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۰/۷۳۵۸ (آنتی ژن)	GTTLDLDSKTQSL (۱۰۷-۱۱۸)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۱/۶۲۱۸ (آنتی ژن)	FPNITNLCP (۳۲۹-۳۳۷)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۱/۰۱۵۸ (آنتی ژن)	ITPGTNTSN (۵۹۸-۶۰۶)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۱/۳۰۴۷ (آنتی ژن)	KRVDFCGKGYHL (۱۰۳۸-۱۰۴۹)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۰/۴۹۱۳ (آنتی ژن)	TVYDPLQPE (۱۱۳۹-۱۱۴۷)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۰/۷۵۳۴ (آنتی ژن)	DSFKEELDK (۱۱۴۹-۱۱۵۷)
غیر سمی	غیر حساسیت‌زا	۱/۳۱۵۸ (آنتی ژن)	VDLGDISGI (۱۱۶۴-۱۱۷۲)

جدول ۵: فهرست اپی توپ‌های سلول B فضایی پیش‌بینی شده در ساختار واکسن

امتیاز	تعداد باقی مانده‌ها	باقی مانده‌ها	ردیف
۰/۸۰۲	۴۳	_:G7, _:N10, _:T11, _:Q13, _:K14, _:Y15, _:Y16, _:C17, _:R18, _:V19, _:R20, _:G21, _:G22, _:R23, _:C24, _:A25, _:V26, _:L27, _:S28, _:C29, _:L30, _:P31, _:K32, _:E33, _:E34, _:Q35, _:I36, _:G37, _:K38, _:C39, _:S40, _:T41, _:G43, _:R44, _:K45, _:C46, _:C47, _:R48, _:R49, _:K50, _:E52, _:A53, _:K56, _:H156, _:E157, _:A160, _:E161, _:A162, _:L163, _:E164, _:R165, _:A166, _:G167, _:Y168, _:Q169, _:T170, _:S171, _:N172, _:F173, _:R174, _:I181, _:V182, _:G183, _:P184, _:G185, _:P186, _:G187, _:C188, _:D189, _:I190, _:S199, _:Y200, _:Q201, _:T202, _:G203, _:P204, _:G205, _:P206, _:G207, _:N208, _:F209, _:T210, _:I211	۱
۰/۷۴۷	۴۰	_:A67, _:A68, _:A69, _:E70, _:A71, _:A72, _:A73, _:K74, _:L75, _:P76, _:F77, _:N78, _:D79, _:G80, _:V81, _:Y82, _:F83, _:F117, _:I118, _:K119, _:A120, _:A121, _:Y122, _:A123, _:R124, _:D125, _:L126, _:I127, _:C128, _:A129, _:Q130, _:K131, _:L295, _:H296, _:A297, _:P298, _:A299, _:T300, _:V301, _:C302, _:K303, _:G305, _:T306, _:T307, _:L308, _:D309, _:S310, _:K311, _:T312, _:Q313, _:S314, _:L315, _:L316, _:K317, _:K318, _:F319, _:P320, _:T323, _:N324, _:L325, _:C326, _:P327, _:K328, _:K329, _:I330, _:T331, _:P332, _:G333, _:T334, _:N335, _:T336, _:S337, _:N338, _:K339, _:K340, _:K341, _:D344, _:C346, _:G347, _:Y357, _:D358, _:P359, _:L360, _:Q361, _:P362, _:E363, _:K365, _:D366, _:S367, _:K369, _:E370, _:E371, _:L372, _:D373, _:K374, _:K375, _:V377, _:D378, _:L379, _:G380, _:D381, _:I382, _:S383, _:G384, _:I385, _:R386	۲
۰/۷۲۳	۳۲	_:P235, _:D236, _:P237, _:S238, _:K239, _:P240, _:S241, _:K242, _:G243	۳
۰/۶۸۵	۷۴		۴
۰/۶۲	۹		۵



شکل ۲: پیش‌بینی اپی توپ‌های ناپیوسته بر روی سطح واکسن طراحی شده توسط EliPro

نواحی زرد اپی توپ‌های فضایی سلول B و مناطق خاکستری باقی‌مانده‌ها هستند.

می‌رفت اپی توپ‌های سلول T و B انتخاب شده از نواحی بدون تغییر در توالی پروتئین اسپایک سویه‌های مختلف، حفاظت‌شدگی ۱۰۰٪ را در بین واریانت‌های مورد نظر نشان دادند. علاوه بر این، همسانی بین توالی واکسن و توالی پروتئین‌های انسانی نشان داد که هیچ کدام از اپی توپ‌های انتخابی، همولوژی با کل پروتئین‌های انسانی ندارند؛ بنابراین این واکسن در بیماری‌های خودایمنی میزبان نقشی ندارد.

### آنالیز پوشش جمعیت انسانی در سراسر جهان، بررسی حفاظت‌شدگی و شناسایی خودایمنی

۱۴ اپی توپ سلول T انتخاب شده به صورت ترکیبی، ۹۹/۹۷ درصد از کل جمعیت انسانی در جهان را شامل می‌شوند که بیانگر پوشش جمعیتی بالا است. درصد پوشش اپی توپ‌ها در سایر مناطق نیز به تفکیک در جدول ۶ ارائه شده است. طبق نتایج ابزار IEDB conservancy analysis، همان‌طور که انتظار

جدول ۶: پوشش جمعیتی اپی توپ‌های سلول T (CTL و HTL) موجود در ساختار واکسن

pc90	کلاس ترکیبی میانگین تعداد برخوردها	پوشش جمعیتی	جمعیت/منطقه
۴/۰۳	۶/۰۶	٪۹۹/۹۹	آفریقای مرکزی
۱/۶۷	۲/۵۳	٪۹۹/۳	آمریکای مرکزی
۳/۹	۵/۸۶	٪۹۹/۹۸	آفریقای شرقی
۲/۷۷	۵/۳۵	٪۹۹/۵۷	آسیای شرقی
۴/۸۶	۷/۸۹	٪۱۰۰	اروپا
۲/۹۹	۵/۳	٪۹۹/۷۶	شمال آفریقا
۵/۰۱	۷/۶۴	٪۱۰۰	آمریکای شمالی
۳/۱۱	۵/۵۸	٪۹۹/۸	شمال شرق آسیا
۳/۱۶	۵/۳۵	٪۹۹/۸۷	اقیانوسیه
۱/۲۹	۳/۰۳	٪۹۴/۹۹	آفریقای جنوبی
۳/۸۶	۶/۲۴	٪۹۹/۹۸	آمریکای جنوبی
۳/۸۲	۶/۴	٪۹۹/۹۹	آسیای جنوبی
۲/۱۱	۴/۱۵	٪۹۸/۷۸	جنوب شرق آسیا
۲/۵۴	۴/۷۲	٪۹۹/۶۶	جنوب غرب آسیا
۴/۴۱	۶/۴۳	٪۱۰۰	غرب آفریقا
۱/۴۶	۲/۸۸	٪۹۶/۹۲	هند غربی
۴/۱۳	۷/۰۱	٪۹۹/۹۷	جهان
۳/۲۴	۵/۴۴	۹۹/۳۳	میانگین
۱/۱۲	۱/۵۲	۱/۳۱	انحراف معیار

میانگین تعداد برخوردها: ترکیبات HLA شناسایی شده در جمعیت/ میانگین تعداد برخوردهای اپی توپ. pc90: ترکیبات HLA شناسایی شده توسط ۹۰٪ از جمعیت/ حداقل تعداد برخوردهای اپی توپ.

## ساخت واکسن نهایی چند اپی توپی

ساختار خطی واکسن شامل ۷ اپی توپ CTL، ۵ اپی توپ HTL، ۲ اپی توپ محرک IFN- $\gamma$ ، IL-4 و IL-10، ۷ اپی توپ LBL، اپی توپ PADRE، ادجوانت بتا دفسین، لینکرها (AAY، GPGPG، KK، HEYGAEALERAG، EAAAK و RVRR) و در نهایت تگ H5E می شود که شمای کلی این سازه در قسمت الف شکل ۳ نشان داده شده است.

## پیش بینی آنتی ژنیسیته، حساسیت زایی، سمیت، حلالیت و خواص فیزیوشیمیایی ساختار نهایی واکسن

امتیاز سرورهای VaxiJen v2.0 [۶۴] و ANTIGENpro [۶۵] که به ترتیب ۰/۶۲۲۴ و ۰/۸۸۵۴ هستند، آنتی ژن بودن واکسن و توانایی آن در القای یک پاسخ ایمنی قوی را تأیید می کنند (نمره بیشتر از ۰/۴ در مدل ویروسی VaxiJen و بیشتر از ۰/۸ در ANTIGENpro آنتی ژن در نظر گرفته می شود). دو سرور AllergenFP 1.0 و AllerTOP 2.0 نیز نشان دادند که واکسن هیچ واکنش آلرژیکی را تحریک نمی کند و غیرحساسیت زا است (PROBABLE NON-ALLERGEN). در سرور ToxinPred، براساس نتایج حالت پیش بینی SVM، در سرتاسر توالی نهایی واکسن که شامل همه اپی توپها، ادجوانت، لینکرها و تگ H5E می شود، هیچ بخش سمی وجود ندارد. همچنین مقادیر پیش بینی شده با Protein-sol server (۰/۴۶۲) و SolPro (۰/۶۰۷۱) نشان می دهند که واکسن از حلالیت خوبی برخوردار است. نتایج کلی برآورد هر کدام از این معیارها برای واکسن طراحی شده در جدول ۷ نشان داده شده است.

ارزیابی خواص فیزیوشیمیایی نشان داد که سازه نهایی شامل

۳۹۸ اسید آمینه با وزن مولکولی ۴۳/۶۶ کیلوالتون (kDa) است. این واکسن دارای نقطه ایزوالکتریک نظری (pI) ۹/۳۶ است که ماهیت بیسیک آن را نشان می دهد. همچنین تعداد کل اسید آمینه های با بار مثبت (Arg + Lys) و منفی (Asp + Glu) به ترتیب ۵۳ و ۳۳ محاسبه شد در نتیجه مقدار بار این ساختار ۲۰+ است. از آنجایی که مقدار بار در محیط های قلیایی کاهش می یابد، معمولاً بهتر است بار به صورت مقادیر مثبت باشد. همچنین ضریب خاموشی  $59540 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$ ، با مقادیر جذب (۰/۱٪) (g/l) ۱/۳۶۴ شامل تمام جفت های سیستئین در شرایط آبی در ۲۸۰ نانومتر است. نیمه عمر تخمینی واکسن در رتیکولوسیت های پستانداران (in vitro) ۳۰ ساعت، در مخمر (in vivo) حدود ۲۰ ساعت و در *E. Coli* (in vivo) ۱۰ ساعت بود که نشان دهنده پایداری آن در فازهای مختلف است. این واکسن با شاخص ناپایداری ۲۳/۰۳ (>۴۰) قابلیت بالایی برای شروع یک واکنش ایمنی را دارد. علاوه بر این، مقدار ۷۲/۳۶ برای شاخص آلیفاتیک نشان می دهد که این ساختار مقاوم به حرارت است. از طرفی میانگین کل هیدروپاتی (GRAVY) ۰/۳۰۷- بود که نمره پایین تر بیانگر حلالیت بهتر است. بنابراین واکسن کاندید ماهیتی آب دوست دارد، به این معنی که می تواند تعامل با آب و خون را تقویت کند و به راحتی اهداف را شناسایی نماید [۲۹]. براساس تمامی نتایج آنالیز خواص فیزیوشیمیایی به دست آمده، محتویات ساختار این واکسن معیارهای لازم برای فرمولاسیون واکسن را برآورده می کند (جدول ۷). از آنجایی که واکسن طراحی شده فاقد هرگونه ماریپچ غشایی است، مشکلی از نظر بیانی در تولید واکسن پیش بینی نمی شود و عدم وجود سیگنال پپتید در ساختار واکسن نشان دهنده جلوگیری از محلی سازی پروتئین است [۶۶].

جدول ۷: نتایج پیش بینی آنتی ژنی، حساسیت زایی، حلالیت، سمیت و خواص فیزیوشیمیایی برای ساختار واکسن.

وزن مولکولی (دالتون)	سمیت	حلالیت (protein-sol)	حلالیت (SolPro)	حساسیت زایی (Allergen FP) (/AllerTOP)	آنتی ژنی (Antigen pro)	امتیاز Vaxijen
۴۳۶۶۲/۳۷	غیر سمی	۰/۴۶۲ (حل شونده)	۰/۶۰۷۱ (حل شونده)	غیر حساسیت زا	۰/۸۸۵۴	۰/۶۲۲۴
هیدروپاتی (GRAVY)	شاخص آب گریزی	شاخص پایداری	نیمه عمر (in vivo)	نیمه عمر (in vitro)	بار	نقطه ی ایزوالکتریک (pI)
-۰/۳۰۷	۷۲/۳۶	۲۳/۰۳ (پایدار)	۲۰ ساعت > ۱۰ ساعت	۳۰ ساعت	۲۰	۹/۳۶

واکسن نهایی

## ساختار ثانویه سازه واکسن

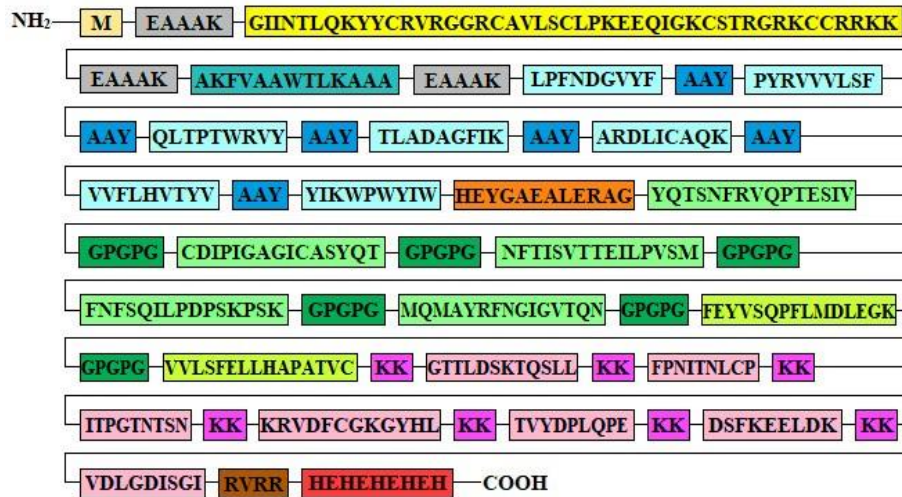
پیش‌بینی ساختار ثانویه با استفاده از PSIPRED نشان داد که ساختار واکسن متشکل از ۲۲/۶۱٪ مارپیچ آلفا، ۲۲/۱۱٪ رشته‌های بتا و ۵۴/۲۷٪ کوئل است. همچنین ساختار ثانویه ارائه شده توسط ابزار تحلیل ساختار ثانویه آنالین (SOPMA) [۴۰] با پارامترهای پیش‌فرض شامل ۲۷/۳۹٪ مارپیچ آلفا، ۲۶/۱۳٪ رشته‌های توسعه‌یافته، ۷/۵۴٪ پیچش بتا و ۲۸/۹۴٪ کوئل تصادفی است. به طور کلی نمایش گرافیکی ویژگی‌های ساختار ثانویه، انعطاف‌پذیری، پایداری و ساختار کروی مطلوبی را برای سازه‌ی واکسن نشان می‌دهند (شکل ۳ قسمت ب).

## مدل‌سازی، پالایش و اعتبارسنجی ساختار سه بعدی واکسن چند اپی توپی

پس از پیش‌بینی مدل‌های سه بعدی توسط سرور Robetta، از بین آن‌ها یک مورد به عنوان مدل برتر انتخاب و در ادامه کار بر مبنای همین مدل، ساختار سه بعدی نهایی برای واکسن ارائه شد. بعد از اصلاح مدل به دست آمده از مرحله قبل توسط GalaxyRefine، مدل ۵ به دلیل امتیازات کیفی مناسب برای پارامترهای مختلف GDT-HA، RMSD، MolProbity، امتیاز برخورد و روتامرهای ضعیف از میان سایر موارد پالایش شده به عنوان مدل نهایی واکسن انتخاب شد (شکل ۳ قسمت ج). اندازه‌گیری شباهت‌های بین دو ساختار پروتئینی (مدل ابتدایی و مدل اصلاح شده) با امتیاز آزمون فاصله جهانی با دقت بالا (GDT-HA) نشان داده می‌شود و مقدار بالای این امتیاز (۰/۹۸۶۲) بیانگر وجود شباهت بالا در بین این دو مدل است. امتیاز انحراف جذر میانگین مربعات (RMSD) فاصله بین اتم‌ها را محاسبه می‌کند به طوری که مقدار کم RMSD، سطح بهتری از ثبات را نشان می‌دهد. نمره RMSD قابل قبول از ۰ تا ۱/۲ تعریف شده است که در این مطالعه، امتیاز این مدل (۰/۲۸۳) نیز در این بازه قرار دارد و این نشان دهنده سطح مطلوبی از ثبات ساختاری واکسن پیش‌بینی شده است [۶۷] از طرفی مقدار امتیاز MolProbity، ۲/۰۶۹

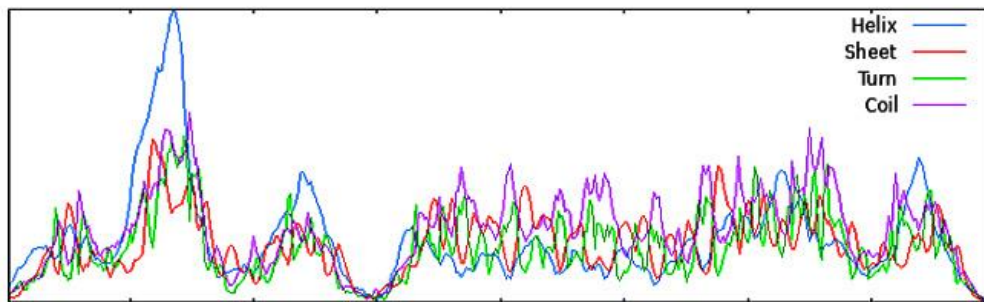
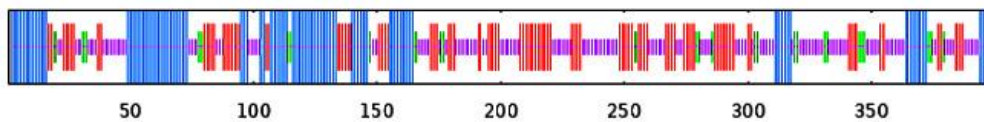
است که بیانگر کاهش خطاهای بحرانی در مدل سه بعدی است. همچنین امتیاز برخورد، تعداد تمام اتم‌های همپوشان نامطلوب را نشان می‌دهد که در این جا از ۵۵/۹ به ۱۷/۲ کاهش یافته است که به معنای افزایش پایداری در ساختار واکسن است. روتامرهای ضعیف به صورت یک عدد ارائه می‌شود که با وضوح کریستالوگرافی در ارتباط است؛ بنابراین ساختاری که از نظر عددی امتیاز روتامرهای زنجیره جانبی بد پایین‌تری دارد (۰/۶)، از نظر کیفیت بهتر از مدل ابتدایی است [۶۸]. همچنین امتیاز نمودار رامچاندرا پس از اصلاح، از ۹۳/۴ به ۹۵/۲ درصد بهبود یافته است. در نهایت براساس نمرات ارائه شده برای شاخص‌های مورد بررسی، مدل اصلاح شده از کیفیت کلی خوبی برخوردار است.

امتیاز Z این ساختار در نمودار PROSA نزدیک به محدوده پروتئین بومی با اندازه مشابه است (۸/۱۵-). که میزان خطای کم، دقت بالای شبیه‌سازی و به طور کلی کیفیت خوب مدل پیش‌بینی شده را نشان می‌دهد (شکل ۳ قسمت‌های د و ه). علاوه بر این، ضریب کیفیت ۸۸/۰۹۵۲ به دست آمده با استفاده از سرور ERRAT، بیانگر کیفیت خوب مدل پروتئینی است [۶۹]. امتیاز نمودار رامچاندرا تصویری از زوایای دو وجهی آمینواسیدهای مجاز و غیرمجاز (زوایای phi و psi) از نظر انرژی را ارائه می‌دهد که براساس شعاع و اندروال زنجیره جانبی محاسبه شده است و معمولاً مقادیر بیش از ۸۵٪ قابل قبول هستند [۷۰]. تجزیه و تحلیل نمودار رامچاندرا با استفاده از آنالیز PROCHECK در سرور PDBsum برای ساختار پالایش شده، ۹۲/۱٪ از باقی‌مانده‌ها را در منطقه مطلوب‌ترین، ۶/۱٪ مجاز اضافی، ۰٪ مجاز سخاوتمندانه و ۱/۸٪ را غیرمجاز برآورد کرد (شکل ۳ قسمت و). در مطالعه حاضر، مجموع باقی‌مانده‌های موجود در محدوده ایده‌آل قرار دارند (۹۲/۱٪) که این موضوع قابل اطمینان بودن این مدل را تأیید می‌کند.

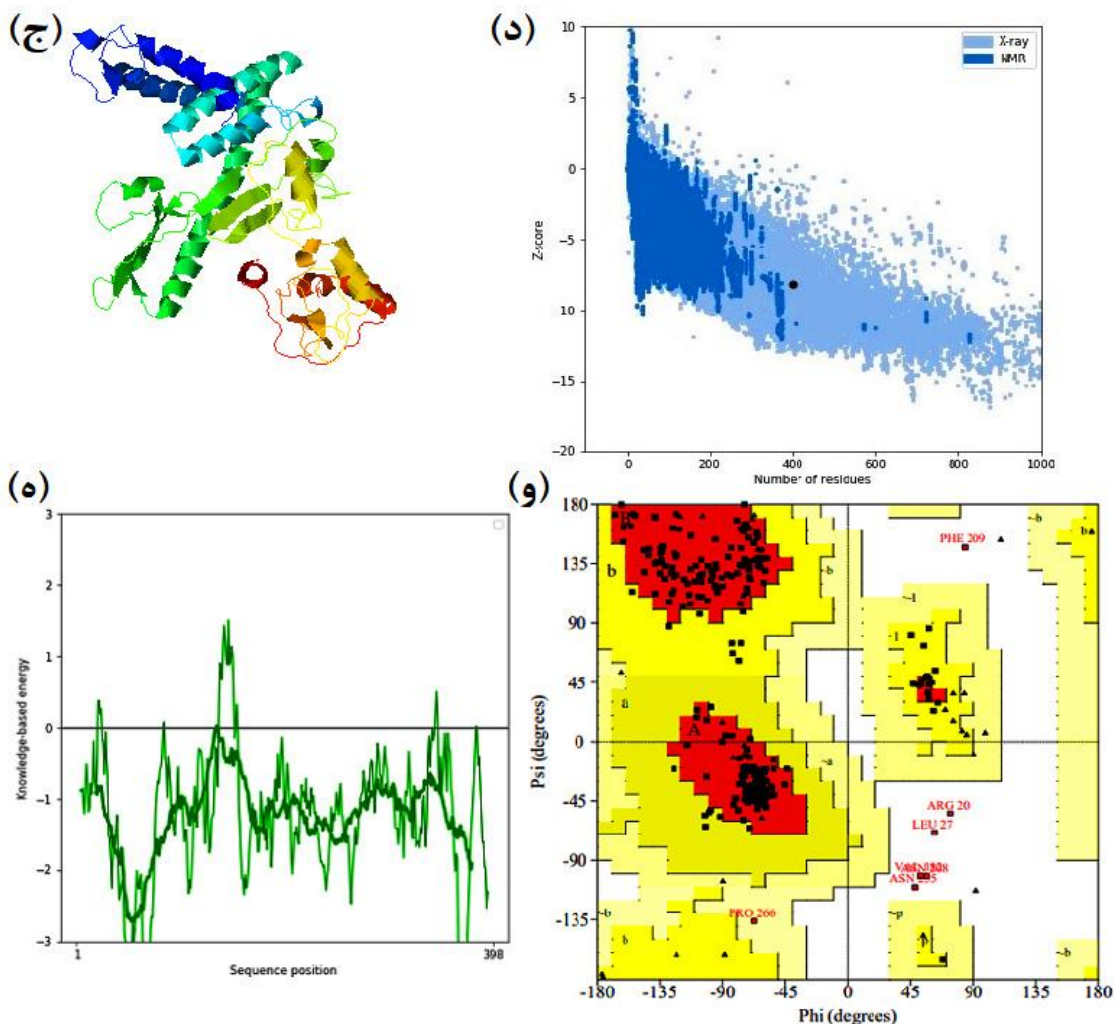


- EAAAK linker
- HβD-3
- PADRE
- HEYGAELERAG linker
- AAY linker
- CTL epitopes
- HTL epitopes
- KK linker
- GPGPG linker
- LBL epitopes
- RVRR linker
- His-Tag
- IFN-γ, IL-4 and IL-10 epitopes

(الف)



(ب)



شکل ۳: (الف) نمایش شماتیک ساختار اولیه واکسن چند اپی توپی و اجزای آن. (ب) پیش‌بینی ساختار ثانویه واکسن. (ج) مدل سه بعدی اصلاح شده. (د) اعتبارسنجی ProSA و نمره Z. (ه) کیفیت مدل محلی. (و) نمودار رامانچاندران ساختار سه بعدی پس از اصلاح.

محلول شماره ۱ با بهترین انرژی جهانی (۱۲۶/۹۶-), انرژی جذب‌کننده و اندروالس (۶۴/۳۳-), انرژی دفعه و اندروالس (۸/۵۶), انرژی پیوند هیدروژنی (HB) (۱۶/۹۶-) و انرژی تماس اتمی (ACE) (۱۲/۳۶) بود (جدول ۸).

با استفاده از نتایج PDBsum مشخص شد که در کمپلکس واکسن-TLR3, در مجموع ۳۹ باقی‌مانده از واکسن با ۴۴ باقی‌مانده از TLR3 برهمکنش داشتند و ناحیه رابط برای واکسن ۲۳۱۰ (Å<sup>2</sup>) و برای TLR3 ۲۱۱۶ (Å<sup>2</sup>) بود. برهمکنش‌های مولکولی ایجاد شده بین واکسن با TLR3 به صورت ۳ پل نمکی, ۳۰ پیوند هیدروژنی و ۲۰۴ برهمکنش غیر پیوندی بود (شکل ۴). وجود پیوندهای هیدروژنی در دستیابی به ترکیبی پایدار اهمیت دارد [۲۶]. در این مطالعه بیشتر فاصله‌های

### داکینگ مولکولی سازه واکسن با گیرنده TLR3

سرور Cluspro برای کمپلکس واکسن-TLR3, ۳۰ مدل کاندید با انرژی‌های داکینگ مختلف به همراه امتیاز خوشه‌ای مربوطه پیش‌بینی کرد. از بین این مدل‌های ارائه شده, مدل ۳ با ۴۸ عضو و کمترین امتیاز انرژی اتصال (۱۰۴۹/۱-) به عنوان بهترین کمپلکس داکینگ شده انتخاب شد که نماینده درستی اشغال‌گیرنده توسط واکسن و تمایل اتصال خوب است. علاوه بر این, پس از ارزیابی ساختار واکسن با استفاده از سرور PatchDock, مدل‌های مختلفی پیش‌بینی و در ادامه ۱۰ کمپلکس برتر شناسایی و با الگوریتم FireDock اصلاح شدند. پس از پالایش نیز ۱۰ مدل ارائه شد و مدلی که کمترین انرژی اتصال را داشت برای گزارش انتخاب شد که در واقع

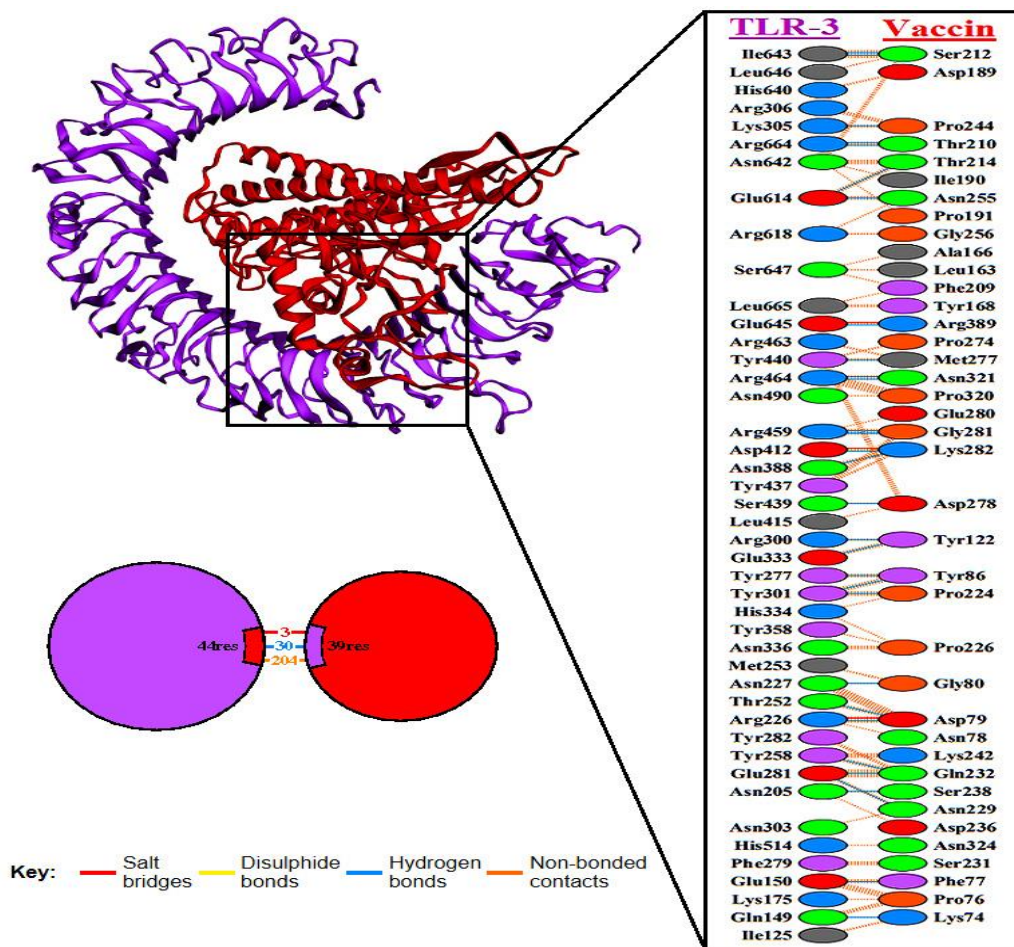
نمودار رامچاندرا ارائه شده برای نتیجه PDBsum برای اعتبارسنجی ساختاری مجموعه داکینگ شده بررسی شد که تأییدکننده نتایج به دست آمده بود.

پیوند هیدروژنی بین باقی مانده‌های برهمکنش دهنده در بازه ۲ تا ۳ آنگستروم قرار دارند، در نتیجه برهمکنش بالایی در بین آن‌ها برقرار است [۷۲]. پیوندهای الکترواستاتیک نیز نقش مهمی در برهمکنش‌های ایجاد شده ایفا می‌کنند [۲۶]. علاوه بر این،

جدول ۸: نتایج داکینگ مولکولی ساختار واکسن با TLR3

FireDock					ClusPro		گیرنده ایمنی
Glob	aVdW	rVdW	ACE	HB	Center	Lowest energy	TLR-3
-۱۲۶/۹۶	-۶۴/۳۳	۸/۵۶	-۱۲/۳۶	-۷/۵۶	-۹۱۵/۶	-۱۰۴۹/۱	

Glob: انرژی جهانی، aVdW: انرژی جذب کننده و اندروال، rVdW: انرژی دفعه و اندروال، ACE: انرژی تماس اتمی، HB: انرژی پیوند هیدروژنی



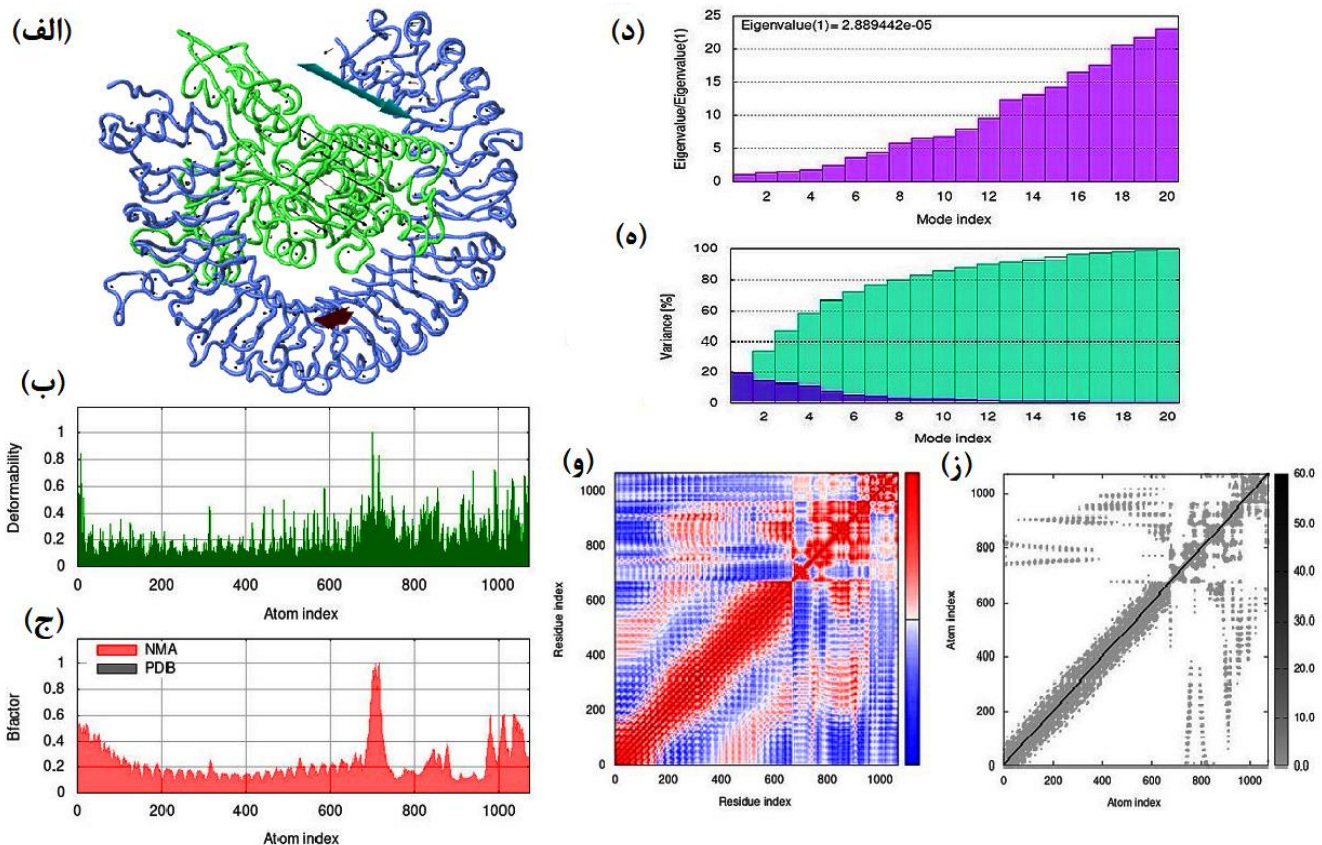
شکل ۴: سمت چپ: نمایش کار تونی مجموعه داکینگ شده واکسن-گیرنده TLR3

ساختار واکسن با رنگ قرمز و TLR3 با رنگ بنفش نشان داده شده است. سمت راست: لیست باقی مانده‌های شرکت کننده در برهمکنش. در اینجا رنگ اختصاص داده شده به هر باقی مانده، ویژگی آن را تفسیر می‌کند (سبز: خنثی، زرد: سیستمین، بنفش: آروماتیک، خاکستری: آلیفاتیک، آبی: بار مثبت، قرمز: بار منفی و نارنجی: پرولین و گلايسين). پل‌های نمکی، پیوندهای دی سولفیدی، پیوندهای هیدروژنی و سایر پیوندها به ترتیب با خطوط قرمز، زرد، آبی و نارنجی نشان داده شده‌اند.

در ارتباط است را نشان می‌دهد که این مقدار برای مجموعه<sup>۵</sup> ۱۰×۲۴۴۲/۸۸۹ محاسبه شده است. همچنین در تصویر ه نمودار واریانس برهمکنش گزارش شده است که با مقدار eigen رابطه عکس دارد. ماتریس کوواریانس بین جفت باقی‌مانده‌ها نشان دهنده همبستگی آن‌ها است که در این جا رنگ‌های قرمز؛ همبستگی، سفید؛ غیر همبستگی و آبی؛ ضد همبستگی را به تصویر می‌کشند (تصویر و). همچنین مدل شبکه الاستیک ارتباط بین اتم‌ها را از طریق تحلیل فنرها و براساس فاصله نشان می‌دهد (جفت اتم‌های متصل شده از طریق فنرها). در واقع هر نقطه نشان دهنده یک فنر بین جفت اتم‌های مربوطه است. فنرهای سفت‌تر با مناطق خاکستری تیره در نمودار الاستیک نشان داده می‌شوند (تصویر ز). یعنی هر فنر براساس سفتی مجموعه در رابطه با جفت اتم مربوطه رنگ می‌شود. در نهایت می‌توان براساس این اطلاعات به دست آمده از شبیه‌سازی دینامیک مولکولی، واکسن طراحی شده را یک سازه پایدار معرفی کرد.

### شبیه‌سازی دینامیک مولکولی ساختار واکسن

نتایج ارزیابی شبیه‌سازی دینامیک مولکولی توسط سرور iMOD، برهمکنش‌های مولکولی، پایداری و حرکات فیزیکی مجموعه واکسن با گیرنده ایمنی را نشان می‌دهند (شکل ۵). پیش‌بینی چرخش‌ها و برهمکنش‌ها در تصویر سه بعدی الف نمایش داده شده است و همان‌طور که قابل مشاهده است، آن‌ها به سمت یکدیگر می‌چرخند (فلش‌های کوچک سیاه). تغییر شکل زنجیره اصلی در محدوده ۰ تا ۱ آنگستروم در قسمت ب ارائه شده است. لولاها (محل‌های چرخشی که در ساختار مجموعه وجود دارند) مناطقی با تغییر شکل‌پذیری بالا هستند که در شکل پیک‌ها این مناطق را نشان می‌دهند (شکل ۵ قسمت ب). مقادیر فاکتور B به صورت مستقیم با مقدار RMS که از طریق NMA استنباط می‌شود، متناسب است و عدم قطعیت هر اتم را به صورت کمی تعیین می‌کند (شکل ۵ قسمت ج). نمودار بخش د مقدار eigen که با انرژی مورد نیاز برای تغییر شکل ساختار



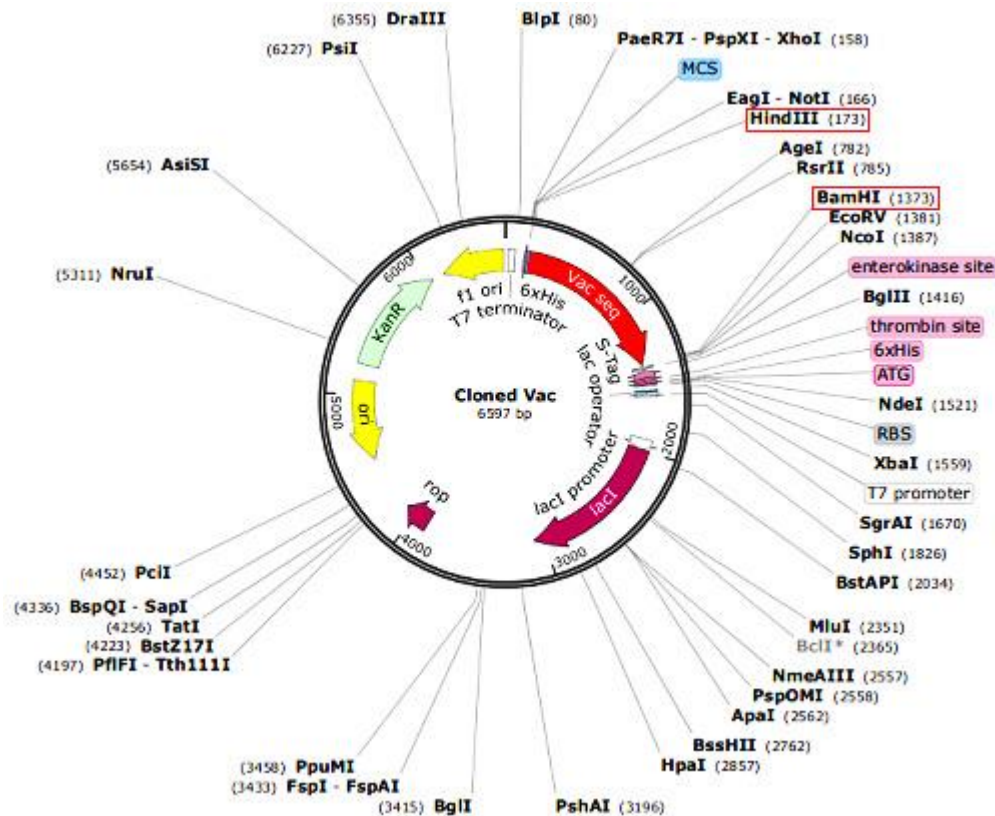
شکل ۵: نتایج شبیه‌سازی دینامیک مولکولی مجموعه‌ی واکسن-گیرنده TLR3 داکینگ شده

(الف) پیش‌بینی تحرک برهمکنش‌های لیگاند-گیرنده، (ب) تغییر شکل‌پذیری، (ج) ضریب B، (د) مقادیر ویژه تحرک NMA، (ه) واریانس، (و) ماتریس کوواریانس و (ز) تحلیل شبکه الاستیک

بهینه‌سازی کدون و کلونینگ *in silico* واکسن

پس از بهینه‌سازی کدون، توالی نوکلئوتیدی واکسن کاندید (توالی cDNA) برای سویه K12 باکتری *E. coli* به عنوان میزبان بیانی مشخص شد [۵۷]. در واقع بهینه‌سازی کدون با هدف حداکثر بیان پروتئین در سیستم میزبان انجام می‌شود. توالی بهینه شده به طول ۱۱۹۴ نوکلئوتید با مقدار شاخص سازگاری کدون ۰/۹۲۵۸ و محتوای گوانین-سیتوزین ۵۲/۱۷ به

نوعی تأیید کننده پتانسیل بیان خوب این واکسن در میزبان مورد نظر است (برای بیان خوب پروتئین در سیستم میزبان، شاخص تطابق کدون (CAI) بیشتر از ۰/۸ یا نزدیک به ۱ [۷۳] و محتوای GC بین ۳۰ تا ۷۰٪ [۷۴]، لحاظ می‌شود). شکل ۶ خروجی نرم‌افزار SnapGene است که کلونینگ *in silico* سازه‌ی واکسن کاندید در درون ناقل (+) pET-30a و ایجاد یک پلاسمید نوترکیب را نشان می‌دهد.



شکل ۶: شبیه‌سازی *in silico* سازه نهایی واکسن در ناقل بیانی (+) pET-30a

در این تصویر واکسن درج شده (نوار قرمز) و سایر بخش‌های ناقل نشان داده شده است.

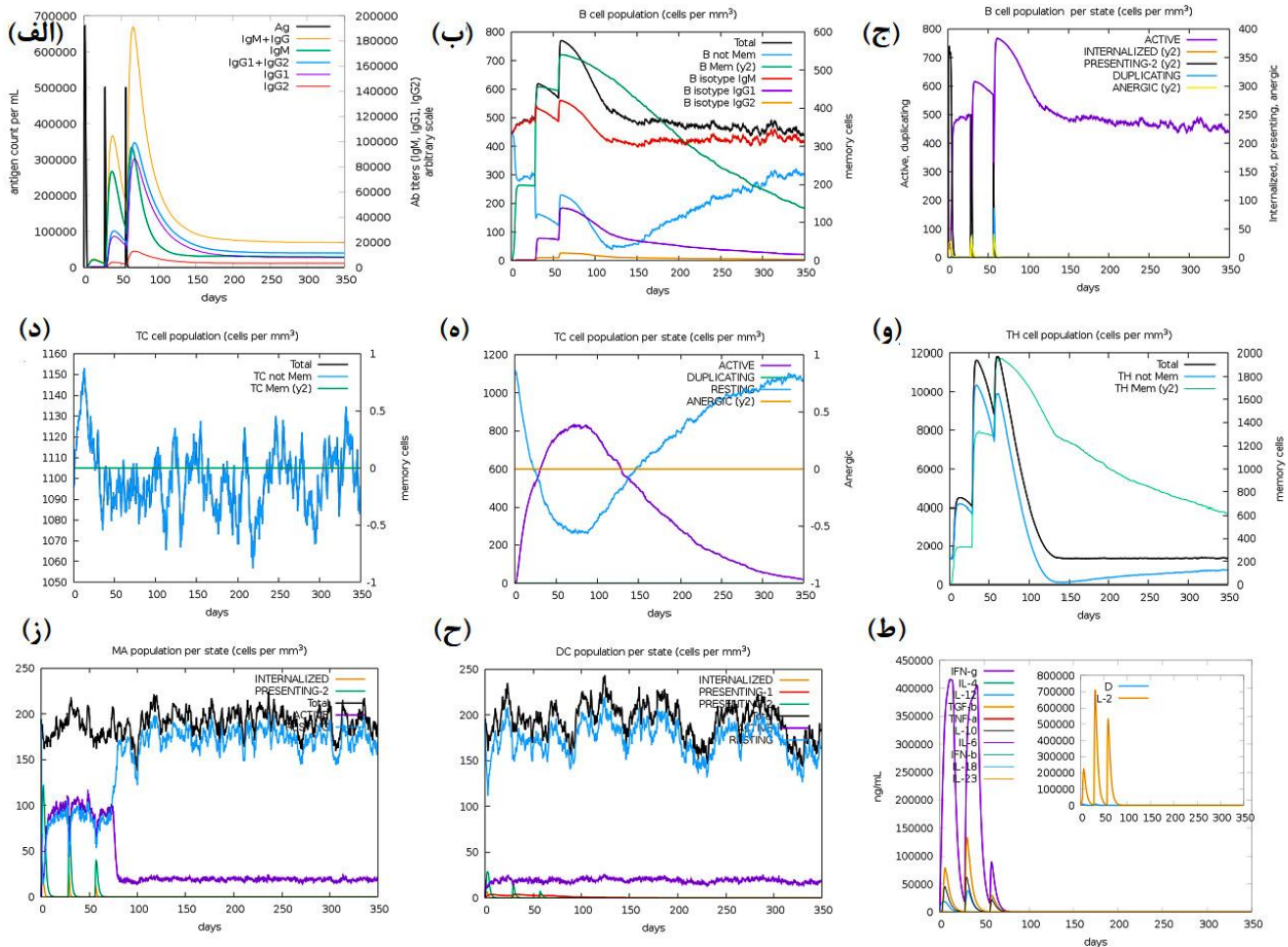
## شبیه‌سازی ایمنی

مشخصات ایمنی واکسن چند اپی‌توپی طراحی شده در شکل ۷ نشان داده شده است. براساس نتایج شبیه‌سازی ایمنی، تجویز واکسن با ۳ تزریق ایمونوگلوبولین‌های IgM، IgM+IgG، IgG1، IgG1+IgG2 و IgG2 را القا می‌کند. به طور قابل توجهی پاسخ‌های دوم و سوم نسبت به پاسخ اول، ایمنی‌زایی بیشتری دارند. در طول پاسخ‌های دوم و سوم کاهش غلظت آنتی‌ژن با افزایش فعالیت ایمونوگلوبولین‌ها مطابقت دارد (تصویر الف). افزایش تشکیل انواع متعدد سلول B (تصویر ب و ج) و

افزایش جمعیت سلول‌های T کشنده و کمک کننده در طول واکسیناسیون (تصویرهای د تا و) با هر تزریق قابل مشاهده است. علاوه بر این، افزایش فعالیت ماکروفاژها به شکل سلول‌های کشنده طبیعی (NK) و دندریتیک شناسایی شد (تصویر ز و ح). همچنین سطوح بالای IFN- $\gamma$ ، IL-2، IL-23، IL-10 و IL-12 از فعال شدن یک پاسخ ایمنی کافی پشتیبانی می‌کنند (تصویر ط). به طوری کلی از این اطلاعات به دست آمده می‌توان این گونه استنباط کرد که با تزریق این واکسن ماکروفاژها، سلول‌های دندریتیک و سلول‌های اپیتلیال فعال می‌شوند که قادر

IgG و IgM را ترشح می‌کند و ترشح سیتوکین‌ها با هر تزریق افزایش می‌یابد. در نهایت این نمایه نشان می‌دهد که در کوتاه مدت، واکسن پاسخ ایمنی قوی ایجاد می‌کند و سطح حافظه ایمنی در مواجهه مکرر بعدی متعاقباً افزایش می‌یابد.

به ارائه آنتی‌ژن در شیار تخصصی مولکول‌های MHC-I و MHC-II هستند. همچنین لنفوسیت‌های T کمک کننده (CD4+) و کشنده (CD8+) و سلول‌های NK در چند روز اول در مواجهه با واکسن طراحی شده فعال می‌شوند. از طرفی لنفوسیت‌های B و B پلاسما پس از فعال شدن، ایزوتیپ‌های



شکل ۷: پیش‌بینی شبیه‌سازی ایمنی در پاسخ به واکسن طراحی شده پس از سه دوره تزریق

(الف) برای نمایش سطح آنتی‌ژن و زیرگروه‌های ایمونوگلوبولین‌ها و همچنین درک بهتر رابطه‌ی آن‌ها، نمودارها با رنگ‌های مختلف نشان داده شده‌اند. افزایش متناوب در جمعیت آنتی‌بادی‌ها پس از دوزهای دوم و سوم. (ب) جمعیت لنفوسیت‌های B بر حسب تعداد کل. (ج) جمعیت لنفوسیت‌های B در هر حالت. (د) جمعیت سلول‌های T کشنده. (ه) جمعیت سلول‌های T کشنده در هر حالت. (و) جمعیت سلول‌های T کمکی. (ز) جمعیت ماکروفاژها در هر حالت. (ح) جمعیت سلول‌های دندریتیک در هر حالت. (ط) غلظت سیتوکین‌ها و اینترلوکین‌ها در سه مرحله‌ی مختلف

می‌شود [۷۶]. علیرغم تلاش‌های گسترده‌ای که در سراسر جهان برای مقابله با این ویروس صورت گرفته است، این بیماری هنوز به طور کامل قابل کنترل نیست [۷۷]. در دهه‌های گذشته، واکسیناسیون و ایمنی جمعی مؤثرترین رویکرد برای کاهش شدید اثرات منفی و ریشه‌کنی بیماری‌های عفونی مختلفی مانند آبله، فلج اطفال، سرخک، سرخجه، سیاه سرفه، اوریون، دیفتی و کزاز بوده است [۷۸]. در حال حاضر برای بیماری کرونا نیز واکسیناسیون به ابزاری مؤثر برای پیشگیری و ایجاد مصونیت تبدیل شده است. هر چند ظهور انواع ژنتیکی ناشی از جهش‌ها

### بحث و نتیجه‌گیری

در سال‌های اخیر همه‌گیری مرگبار COVID-19 ناشی از سویه‌های مختلف ویروس SARS-CoV-2، به عنوان یک معضل برای بهداشت جهانی مطرح بوده است [۷۵]. پس از تغییرات سریع به واسطه نوترکیبی در اجزای مختلف ژنوم، ویروس جدید به سرعت سلول‌های میزبان را آلوده می‌کند که باعث شکل‌گیری یک بیماری خطرناک با وضعیت نامشخص

به طور بالقوه می‌تواند واکسن‌های ساخته شده را تضعیف نماید به طوری که برخی از انواع سویه‌ها می‌توانند از پاسخ‌های ایمنی ناشی از واکسن‌ها و عفونت‌های قبلی فرار کنند [۷۹].

رویکرد اصلی در مطالعه حاضر متمرکز بر طراحی و ساخت یک واکسن چند اپی‌توپی در شرایط *in silico* با استفاده از مجموعه‌ای از ابزارهای بیوانفورماتیک و ایمونوفورماتیک برای پیش‌بینی اپی‌توپ‌های القاکننده پاسخ‌های سیستم ایمنی (هومورال و سلولی) در برابر همه واریانت‌های جدید همیشه در حال تکامل و جهش یافته‌ی SARS-CoV-2 بوده است. با این حال، انتقال مکرر در سراسر جهان، بستری را برای جهش‌هایی که منجر به تغییر در ژنوم RNA این ویروس و متعاقباً ترجمه پروتئین‌های مختلف ویروسی می‌شوند، فراهم نموده است. از آنجایی که تغییر در یک اسید آمینه می‌تواند نتایج پیش‌بینی شده از آنالیز اپی‌توپ را تغییر دهد، این نوع جهش‌ها می‌توانند بر واکسن‌های مبتنی بر اپی‌توپ تأثیرگذار باشند [۸۰]. برای مقابله با این تغییرات با پیروی از مطالعاتی که توسط Almofti و همکاران و Oluwagbemi و همکاران انجام شده است [۲۴، ۸۱]، یک هم‌ترازی توالی چندگانه برای ۳۲ گلیکوپروتئین اسپایک SARS-CoV-2 اجرا شد تا هیچ جهشی در ناحیه اپی‌توپ‌های انتخاب شده وجود نداشته باشد (شکل ۱) که نشان‌دهنده اثربخشی این واکسن پیشنهادی است. پس از پیش‌بینی و شناسایی اپی‌توپ‌های سلول T و B کاملاً حفاظت شده، با بررسی یکسری از پارامترهای مختلف، بهترین اپی‌توپ‌های CTL، HTL و LBL انتخاب و با استفاده از لینکرهای متنوع به هم متصل شدند (جدول ۱ تا ۴). لینکرهای به کار گرفته شده در انعطاف‌پذیری، تا خوردگی، افزایش عرضه اپی‌توپ‌ها و جداسازی دمین‌های عملکردی نقش دارند، از این رو ساختار پروتئین را پایدارتر می‌کنند [۸۲]. همچنین وجود ادجوانت در ساختار واکسن طراحی شده در اثربخشی، دوام آنتی‌ژن‌ها و القای پاسخ‌های ایمنی قوی‌تر اهمیت دارد [۸۳].

در طراحی واکسن مبتنی بر اپی‌توپ برای جمعیت‌های انسانی که از نظر ژنتیکی ناهمگن هستند (پلی مورفیسم HLA)، بررسی دقیق پوشش جمعیتی اپی‌توپ‌های لئوسیت‌های T (اپی‌توپ‌ها CTL و HTL) مورد نیاز است چرا که ممکن است افراد به مجموعه‌های مختلفی از پپتیدهای یک پاتوژن معین واکنش نشان دهند [۸۴]. اپی‌توپ‌های انتخاب شده در مطالعه حاضر درجه بالایی از پوشش جمعیتی را برای مناطق مورد نظر نشان دادند (جدول ۶)، از این رو واکسن چند اپی‌توپی طراحی

شده می‌تواند کاندیدی برای مقابله با SARS-CoV-2 در سطح جهانی باشد. نتایج آنالیز ویژگی‌های فیزیکوشیمیایی برای این ساختار همان‌طور که در جدول ۷ مشاهده می‌شود، توانایی آن به عنوان یک واکسن کاندیدی بالقوه‌ی مناسب را اثبات می‌کند. وزن مولکولی این سازه برای یک واکسن قابل قبول است که کارایی ساختار آن را نشان می‌دهد [۸۵]. مقدار pI نظری تخمین زده شده، برهمکنش pH فیزیولوژیکی پایدار را تضمین می‌کند. امتیازهای شاخص ناپایداری و شاخص آلیفاتیک نشان دادند که واکسن در برابر حرارت پایدار و مقاوم است. نمره مثبت میانگین کل هیدروپاتی به‌دست‌آمده بیانگر ماهیت آبدوستی و توانایی آن برای انحلال‌پذیری است. همچنین مشخص شد که واکسن چنداپی‌توپی طراحی شده ایمنی‌زا، آنتی‌ژن، غیر حساسیت‌زا و غیر سمی است. پیش‌بینی ساختارهای دوم و سوم به درک بهتر ساختار واکسن طراحی شده کمک می‌کنند. با بررسی انواع الگوهای ساختاری خاص در یک زنجیره پلی پپتیدی اطلاعاتی در رابطه با پایداری و انعطاف‌پذیری آن به دست می‌آید. از طرفی دیگر ساختار سه‌بعدی آرایش فضایی خاص همه اسیدهای آمینه تشکیل دهنده اجزای واکسن را ارائه می‌کند که امکان مطالعه برهم‌کنش‌ها، دینامیک و عملکرد پروتئین را فراهم می‌نماید [۸۶]. همچنین پس از اصلاح مدل سه بعدی، ویژگی‌های مطلوب سازه به طور قابل توجهی بهبود یافت. کیفیت مدل پیش‌بینی شده با مقادیر شاخص‌های RMSD، روتامرهای ضعیف، امتیاز برخورد، MolProbity و نمودار رامانچاندرا مشخص می‌شود [۸۷]. روش‌های اعتبارسنجی نیز برای تشخیص خطاها در ساختار مدل‌سازی شده استفاده شده‌اند. نمرات ضریب کیفیت ERRAT و امتیاز Z ثابت کردند که مدل اصلاحی انتخاب شده از کیفیت مناسبی برخوردار است.

آنتی‌بادی‌ها (ایمونوگلوبولین‌ها) با شناسایی و اتصال به اپی‌توپ‌های سلول B موجود بر روی سطح آنتی‌ژن‌ها، پاسخ ایمنی را تحریک می‌کنند. توانایی تشخیص این جایگاه‌های اتصال در توالی یا ساختار فضایی آنتی‌ژن در ساخت واکسن‌های نوترکیب اهمیت دارد [۸۸]. در ساختار این واکسن نیز اپی‌توپ‌های B خطی و فضایی قرار دارند که ظرفیت آن برای ایجاد پاسخ‌های ایمنی هومورال تقویت‌شده را نشان می‌دهند (جدول ۵ و شکل ۲). وجود برهم‌کنش‌های کافی و مؤثر بین مولکول آنتی‌ژن و مولکول‌های گیرنده ایمنی برای تحریک پاسخ ایمنی ضروری است. داکینگ پروتئین-پروتئین برای ارزیابی

در این مطالعه، مجموعه‌ای از رویکردهای محاسباتی به منظور شناسایی اپی‌توپ‌های بالقوه برای سلول‌های T (HTL) و CTL) و B از پروتئین اسپایک سویه‌های مختلف SARS-CoV-2 به کار گرفته شده است. از آنجایی که اپی‌توپ‌های شناسایی شده در بین سویه‌های مختلف کاملاً حفاظت شده و مشترک هستند، می‌توانند در مطالعات آینده نیز مورد استفاده قرار گیرند. ارزیابی‌ها نشان دادند که این واکسن طراحی شده دارای خواص ایمنی مطلوب با پوشش جمعیتی بالا است. علاوه بر این می‌تواند به گیرنده‌های ایمنی متصل شود و همچنین پاسخ ایمنی قوی را در هنگام عفونت ایجاد کند. این قبیل تحقیقات می‌توانند هزینه‌ها و زمان لازم برای آنالیز واکسن‌ها را کاهش دهند و ارزش قابل توجهی در مدیریت COVID-19 و سایر بیماری‌های ناشناخته‌ای که ممکن است در آینده ظهور کنند، داشته باشند. با این حال، برای اطمینان از پتانسیل واقعی واکسن‌های طراحی شده و بررسی پیامدهای عملی، انجام مطالعات تکمیلی در شرایط *in vitro* و *in vivo* نیاز است.

### تشکر و قدردانی

این مقاله مستخرج از رساله مصوب دانشگاه تبریز و تحت حمایت آزمایشگاه مهندسی ژنتیک گروه به نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی و مرکز تحقیقات علوم و فناوری زیستی اجرا شده است.

### تعارض منافع

بدین وسیله نویسندگان اعلام می‌کنند که هیچ‌گونه تضاد منافی در خصوص این پژوهش وجود ندارد.

اتصال واکسن به گیرنده ایمنی (TLR3) و تعیین ساختار کمپلکس پایدار تشکیل شده، اهمیت دارد [۸۹]. مدل‌هایی که کمترین انرژی‌های بین مولکولی و بالاترین پیوندها را نشان می‌دهند، انتخاب و تجسم شدند. براساس نتایج، پایداری و میل اتصال بالایی بین واکسن و TLR3 وجود دارد که این برهمکنش‌ها پتانسیل تحریک پاسخ ایمنی ذاتی و تطبیقی توسط واکسن طراحی شده را نشان می‌دهند (شکل ۴). بازده ترجمه برای ژن‌های خارجی در داخل سیستم میزبان بیانی به دلیل ناسازگاری کدون‌های mRNA متفاوت است [۹۰]. در نتیجه به منظور بهبود کارایی رونویسی، ترجمه و بیان کارآمد پروتئین نوترکیب در میزبان جدید، بهینه‌سازی کدون انجام می‌شود. مقدار CAI و محتوای درصد GC محاسبه شده برای توالی بهینه‌سازی شده بیانگر بیان کارآمد پروتئین نوترکیب است [۶۶]. نتایج پاسخ ایمنی شبیه‌سازی شده مشابه پدیده‌های ایمونولوژیک بدن انسان که با هدف درک پاسخ واقعی در شرایط *in silico* انجام می‌شوند، نشان دادند که پاسخ‌های ایمنی پس از تزریق واکسن دوم و سوم تقویت شده‌اند. همچنین بسیاری از ایمونوگلوبولین‌های متعلق به ایزوتیپ‌های مختلف نیز تولید شدند که به پیدایش سلول‌های حافظه کمک می‌کنند [۹۱]. از نتایج می‌توان دریافت که واکسن به طور مؤثر جمعیت سلول‌های T کمکی و کشنده را افزایش می‌دهد (شکل ۷). به طور کلی یافته‌های به دست آمده از ابزارهای مختلف محاسباتی و ایمونوآنفورماتیک در این مطالعه نشان دادند که سازه طراحی شده به عنوان یک واکسن کاندید برای مقابله با سویه‌های مختلف SARS-CoV-2 کارآمد، پایدار و ایمن است.

### References

- Bell D, Hansen KS, Kiragga AN, Kambugu A, Kissa J, Mbonye AK. Predicting the Impact of COVID-19 and the Potential Impact of the Public Health Response on Disease Burden in Uganda. *Am J Trop Med Hyg* 2020;103(3):1191-7. doi: 10.4269/ajtmh.20-0546.
- World Health Organization (WHO). Weekly epidemiological update on COVID-19 [2023 Apr 1]. Available from: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---6-april-2023>
- Yang R, Wu S, Wang S, Rubino G, Nickels JD, Cheng X. Refinement of SARS-CoV-2 envelope protein structure in a native-like environment by molecular dynamics simulations. *Front Mol Biosci* 2022;9:1027223. doi: 10.3389/fmolb.2022.1027223.
- Walls AC, Park YJ, Tortorici MA, Wall A, McGuire AT, Veisler D. Structure, Function, and Antigenicity of the SARS-CoV-2 Spike Glycoprotein. *Cell* 2020;181(2):281-92.e6. doi: 10.1016/j.cell.2020.02.058.
- Wu F, Zhao S, Yu B, Chen YM, Wang W, Song ZG, et al. A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature* 2020;579(7798):265-9. doi: 10.1038/s41586-020-2008-3.
- Magazine N, Zhang T, Wu Y, McGee MC, Veggiani G, Huang W. Mutations and Evolution of the SARS-CoV-2 Spike Protein. *Viruses* 2022;14(3):640. doi: 10.3390/v14030640.

7. Sette A, Fikes J. Epitope-based vaccines: an update on epitope identification, vaccine design and delivery. *Curr Opin Immunol* 2003;15(4):461-70. doi: 10.1016/s0952-7915(03)00083-9.
8. Gershoni JM, Roitburd-Berman A, Siman-Tov DD, Tarnovitski Freund N, Weiss Y. Epitope mapping: the first step in developing epitope-based vaccines. *BioDrugs* 2007;21(3):145-56. doi: 10.2165/00063030-200721030-00002.
9. Hastie KM, Li H, Bedinger D, Schendel SL, Dennison SM, Li K, et al. Defining variant-resistant epitopes targeted by SARS-CoV-2 antibodies: A global consortium study. *Science* 2021;374(6566):472-8. doi: 10.1126/science.abh2315.
10. Larsen MV, Lundegaard C, Lamberth K, Buus S, Lund O, Nielsen M. Large-scale validation of methods for cytotoxic T-lymphocyte epitope prediction. *BMC Bioinformatics* 2007;8:424. doi: 10.1186/1471-2105-8-424.
11. Moutaftsi M, Peters B, Pasquetto V, Tschärke DC, Sidney J, Bui HH, et al. A consensus epitope prediction approach identifies the breadth of murine T(CD8+)-cell responses to vaccinia virus. *Nat Biotechnol* 2006;24(7):817-9. doi: 10.1038/nbt1215.
12. Doytchinova IA, Flower DR. VaxiJen: a server for prediction of protective antigens, tumour antigens and subunit vaccines. *BMC Bioinformatics* 2007;8:4. doi: 10.1186/1471-2105-8-4.
13. Calis JJ, Maybeno M, Greenbaum JA, Weiskopf D, De Silva AD, Sette A, et al. Properties of MHC class I presented peptides that enhance immunogenicity. *PLoS Comput Biol* 2013;9(10):e1003266. doi: 10.1371/journal.pcbi.1003266.
14. Dimitrov I, Bangov I, Flower DR, Doytchinova I. AllerTOP v.2--a server for in silico prediction of allergens. *J Mol Model* 2014;20(6):2278. doi: 10.1007/s00894-014-2278-5.
15. Gupta S, Kapoor P, Chaudhary K, Gautam A, Kumar R. In silico approach for predicting toxicity of peptides and proteins. *PLoS One* 2013;8(9):e73957. doi: 10.1371/journal.pone.0073957.
16. Jensen KK, Andreatta M, Marcatili P, Buus S, Greenbaum JA, Yan Z, et al. Improved methods for predicting peptide binding affinity to MHC class II molecules. *Immunology* 2018;154(3):394-406. doi: 10.1111/imm.12889.
17. Wang P, Sidney J, Kim Y, Sette A, Lund O, Nielsen M, et al. Peptide binding predictions for HLA DR, DP and DQ molecules. *BMC Bioinformatics* 2010;11:568. doi: 10.1186/1471-2105-11-568.
18. Nagpal G, Usmani SS, Dhanda SK, Kaur H, Singh S, Sharma M, et al. Computer-aided designing of immunosuppressive peptides based on IL-10 inducing potential. *Sci Rep* 2017;7:42851. doi: 10.1038/srep42851.
19. Oladipo EK, Adeniyi MO, Ogunlowo MT, Irewolede BA, Adekanola VO, Oluseyi GS, et al. Bioinformatics Designing and Molecular Modelling of a Universal mRNA Vaccine for SARS-CoV-2 Infection. *Vaccines (Basel)* 2022;10(12):2107. doi: 10.3390/vaccines10122107.
20. El-Manzalawy Y, Dobbs D, Honavar V. Predicting linear B-cell epitopes using string kernels. *J Mol Recognit* 2008;21(4):243-55. doi: 10.1002/jmr.893.
21. Jespersen MC, Peters B, Nielsen M, Marcatili P. BepiPred-2.0: improving sequence-based B-cell epitope prediction using conformational epitopes. *Nucleic Acids Res* 2017;45(W1):W24-W9. doi: 10.1093/nar/gkx346.
22. Larkin MA, Blackshields G, Brown NP, Chenna R, McGettigan PA, McWilliam H, et al. Clustal X and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics* 2007;23(21):2947-8. doi: 10.1093/bioinformatics/btm404.
23. Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Mol Biol Evol* 2018;35(6):1547-9. doi: 10.1093/molbev/msy096.
24. Almofti YA, Abd-Elrahman KA, Eltilib EEM. Vaccinomic approach for novel multi epitopes vaccine against severe acute respiratory syndrome coronavirus-2 (SARS-CoV-2). *BMC Immunol* 2021;22(1):22. doi: 10.1186/s12865-021-00412-0.
25. Bui HH, Sidney J, Dinh K, Southwood S, Newman MJ, Sette A. Predicting population coverage of T-cell epitope-based diagnostics and vaccines. *BMC Bioinformatics* 2006;7:153. doi: 10.1186/1471-2105-7-153.
26. Mahmud S, Rafi MO, Paul GK, Promi MM, Shimu MSS, Biswas S, et al. Designing a multi-epitope vaccine candidate to combat MERS-CoV by employing an immunoinformatics approach. *Sci Rep* 2021;11(1):15431. doi: 10.1038/s41598-021-92176-1.
27. Singh A, Thakur M, Sharma LK, Chandra K. Designing a multi-epitope peptide-based vaccine against SARS-CoV-2. *Sci Rep* 2020;10(1):16219. doi: 10.1038/s41598-020-73371-y.
28. Chauhan V, Rungta T, Goyal K, Singh MP. Designing a multi-epitope-based vaccine to combat Kaposi Sarcoma utilizing immunoinformatics approach. *Sci Rep* 2019;9(1):2517. doi: 10.1038/s41598-019-39299-8.
29. Pandey RK, Ojha R, Aathmanathan VS, Krishnan M, Prajapati VK. Immunoinformatics approaches to design a novel multi-epitope subunit vaccine against HIV infection. *Vaccine* 2018;36(17):2262-72. doi: 10.1016/j.vaccine.2018.03.042.
30. Chen X, Niyonsaba F, Ushio H, Hara M, Yokoi H, Matsumoto K, et al. Antimicrobial peptides human  $\beta$ -defensin (hBD)-3 and hBD-4 activate mast cells and increase skin vascular permeability. *Eur J Immunol* 2007; 37(2): 434-44. <https://doi.org/10.1002/eji.200636379>
31. Ahmad TA, Eweida AE, Sheweita SA. B-cell epitope mapping for the design of vaccines and effective diagnostics. *Trials in Vaccinology* 2016; 5: 71-83. <https://doi.org/10.1016/j.trivac.2016.04.003>
32. Magnan CN, Zeller M, Kayala MA, Vigil A, Randall A, Felgner PL, et al. High-throughput prediction of

- protein antigenicity using protein microarray data. *Bioinformatics* 2010;26(23):2936-43. doi: 10.1093/bioinformatics/btq551.
33. Dimitrov I, Naneva L, Doytchinova I, Bangov I. AllergenFP: allergenicity prediction by descriptor fingerprints. *Bioinformatics* 2014;30(6):846-51. doi: 10.1093/bioinformatics/btt619.
34. Gasteiger E, Hoogland C, Gattiker A, Duvaud S, Wilkins MR, Appel RD, et al. Protein Identification and Analysis Tools on the ExpASY Server. In: Walker JM, editors. *The Proteomics Protocols Handbook*, New York: Humana Press; 2005. p. 571-607. <https://doi.org/10.1385/1-59259-890-0:571>
35. Hebditch M, Carballo-Amador MA, Charonis S, Curtis R, Warwicker J. Protein-Sol: a web tool for predicting protein solubility from sequence. *Bioinformatics* 2017; 33(19): 3098-100. doi: 10.1093/bioinformatics/btx345
36. Magnan CN, Randall A, Baldi P. SOLpro: accurate sequence-based prediction of protein solubility. *Bioinformatics* 2009; 25(17): 2200-7. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp386>
37. Krogh A, Larsson B, von Heijne G, Sonnhammer EL. Predicting transmembrane protein topology with a hidden Markov model: application to complete genomes. *J Mol Biol* 2001;305(3):567-80. doi: 10.1006/jmbi.2000.4315.
38. Nielsen H. Predicting Secretory Proteins with SignalP. *Methods Mol Biol* 2017;1611:59-73. doi: 10.1007/978-1-4939-7015-5\_6.
39. Buchan DWA, Jones DT. The PSIPRED Protein Analysis Workbench: 20 years on. *Nucleic Acids Res* 2019;47(W1):W402-W7. doi: 10.1093/nar/gkz297.
40. Geourjon C, Deléage G. SOPMA: significant improvements in protein secondary structure prediction by consensus prediction from multiple alignments. *Comput Appl Biosci* 1995; 11(6):681-4. doi: 10.1093/bioinformatics/11.6.681
41. Kim DE, Chivian D, Baker D. Protein structure prediction and analysis using the Robetta server. *Nucleic Acids Res* 2004;32(Web Server issue):W526-31. doi: 10.1093/nar/gkh468.
42. Ko J, Park H, Heo L, Seok C. GalaxyWEB server for protein structure prediction and refinement. *Nucleic Acids Res* 2012;40(Web Server issue):W294-7. doi: 10.1093/nar/gks493.
43. Wiederstein M, Sippl MJ. ProSA-web: interactive web service for the recognition of errors in three-dimensional structures of proteins. *Nucleic Acids Res* 2007;35(Web Server issue):W407-10. doi: 10.1093/nar/gkm290.
44. Colovos C, Yeates TO. Verification of protein structures: patterns of nonbonded atomic interactions. *Protein Sci* 1993;2(9):1511-9. doi: 10.1002/pro.5560020916
45. Bowie JU, Lüthy R, Eisenberg D. A method to identify protein sequences that fold into a known three-dimensional structure. *Science* 1991;253(5016):164-70. doi: 10.1126/science.1853201.
46. Pontius J, Richelle J, Wodak SJ. Deviations from standard atomic volumes as a quality measure for protein crystal structures. *J Mol Biol* 1996;264(1):121-36. doi: 10.1006/jmbi.1996.0628.
47. Laskowski RA, MacArthur MW, Moss DS, Thornton JM. PROCHECK: A program to check the stereochemical quality of protein structures. *J Appl Cryst* 1993; 26: 283-91. <https://doi.org/10.1107/S0021889892009944>
48. Hooft RW, Vriend G, Sander C, Abola EE. Errors in protein structures. *Nature* 1996;381(6580):272. doi: 10.1038/381272a0.
49. Laskowski RA, Jabłońska J, Právda L, Vařeková RS, Thornton JM. PDBsum: Structural summaries of PDB entries. *Protein Sci* 2018;27(1):129-34. doi: 10.1002/pro.3289.
50. DeLano WL. Pymol: An open-source molecular graphics tool. *CCP4 Newsletter on Protein Crystallography* 2002; 40(1): 82-92.
51. Ponomarenko J, Bui HH, Li W, Füsseder N, Bourne PE, Sette A, et al. ElliPro: a new structure-based tool for the prediction of antibody epitopes. *BMC Bioinformatics* 2008;9:514. doi: 10.1186/1471-2105-9-514.
52. Vajda S, Yueh C, Beglov D, Bohnuud T, Mottarella SE, Xia B, et al. New additions to the ClusPro server motivated by CAPRI. *Proteins* 2017; 85(3): 435-44. doi: 10.1002/prot.25219
53. Schneidman-Duhovny D, Inbar Y, Nussinov R, Wolfson HJ. PatchDock and SymmDock: servers for rigid and symmetric docking. *Nucleic Acids Res* 2005;33(Web Server issue):W363-7. doi: 10.1093/nar/gki481.
54. Andrusier N, Nussinov R, Wolfson HJ. FireDock: fast interaction refinement in molecular docking. *Proteins* 2007;69(1):139-59. doi: 10.1002/prot.21495.
55. López-Blanco JR, Aliaga JI, Quintana-Ortí ES, Chacón P. iMODS: internal coordinates normal mode analysis server. *Nucleic Acids Res* 2014;42(Web Server issue):W271-6. doi: 10.1093/nar/gku339.
56. Bansal S, Dalrymple O, Gaffar A. Design, development, and implementation of the instructional module development system (IMODs). 122nd ASEE Annual conference and Exposition; 2015 Jun 14-17. Seattle, WA: American Society for Engineering Education; 2015.
57. Grote A, Hiller K, Scheer M, Münch R, Nörtemann B, Hempel DC, et al. JCat: a novel tool to adapt codon usage of a target gene to its potential expression host. *Nucleic Acids Res* 2005;33(Web Server issue):W526-31. doi: 10.1093/nar/gki376.
58. Smith CL, Econome JG, Schutt A, Klco S, Cantor CR. A physical map of the Escherichia coli K12 genome. *Science* 1987;236(4807):1448-53. doi: 10.1126/science.3296194.
59. Sharp PM, Li WH. The codon Adaptation Index--a measure of directional synonymous codon usage bias, and its potential applications. *Nucleic Acids Res* 1987; 15(3): 1281-95. doi: 10.1093/nar/15.3.1281

60. Samad A, Ahammad F, Nain Z, Alam R, Imon RR, Hasan M, et al. Designing a multi-epitope vaccine against SARS-CoV-2: an immunoinformatics approach. *J Biomol Struct Dyn* 2022; 40(1): 14-30. doi: 10.1080/07391102.2020.1792347
61. Tahir Ul Qamar M, Shahid F, Aslam S, Ashfaq UA, Aslam S, Fatima I, et al. Reverse vaccinology assisted designing of multiepitope-based subunit vaccine against SARS-CoV-2. *Infect Dis Poverty* 2020;9(1):132. doi: 10.1186/s40249-020-00752-w.
62. Rapin N, Lund O, Bernaschi M, Castiglione F. Computational immunology meets bioinformatics: the use of prediction tools for molecular binding in the simulation of the immune system. *PLoS One* 2010; 5(4): e9862. doi: 10.1371/journal.pone.0009862
63. Jalal K, Abu-Izneid T, Khan K, Abbas M, Hayat A, Bawazeer S, et al. Identification of vaccine and drug targets in *Shigella dysenteriae* sd197 using reverse vaccinology approach. *Sci Rep* 2022;12(1):251. doi: 10.1038/s41598-021-03988-0.
64. Ong E, Wang H, Wong MU, Seetharaman M, Valdez N, He Y. Vaxign-ML: supervised machine learning reverse vaccinology model for improved prediction of bacterial protective antigens. *Bioinformatics* 2020;36(10):3185-91. doi: 10.1093/bioinformatics/btaa119.
65. Kathwate GH. In silico Design and Characterization of Multi-epitopes Vaccine for SARS-CoV2 from Its Spike Protein. *Int J Pept Res Ther* 2022;28(1):37. doi: 10.1007/s10989-021-10348-z.
66. Kar T, Narsaria U, Basak S, Deb D, Castiglione F, Mueller DM, et al. A candidate multi-epitope vaccine against SARS-CoV-2. *Sci Rep* 2020;10(1):10895. doi: 10.1038/s41598-020-67749-1.
67. Heo L, Park H, Seok C. GalaxyRefine: Protein structure refinement driven by side-chain repacking. *Nucleic Acids Res.* 2013; 41(Web Server issue): W384-8. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt458>
68. Dong R, Chu Z, Yu F, Zha Y. Contriving Multi-Epitope Subunit of Vaccine for COVID-19: Immunoinformatics Approaches. *Front Immunol* 2020;11:1784. doi: 10.3389/fimmu.2020.01784.
69. Messaoudi A, Belguith H, Ben Hamida J. Homology modeling and virtual screening approaches to identify potent inhibitors of VEB-1  $\beta$ -lactamase. *Theor Biol Med Model* 2013;10:22. doi: 10.1186/1742-4682-10-22.
70. Ramachandran GN, Ramakrishnan C, Sasisekharan V. Stereochemistry of polypeptide chain configurations. *J Mol Biol* 1963;7:95-9. doi: 10.1016/s0022-2836(63)80023-6.
71. Lovell SC, Davis IW, Arendall WB 3rd, de Bakker PI, Word JM, Prisant MG, et al. Structure validation by C $\alpha$  geometry: phi, psi and C $\beta$  deviation. *Proteins* 2003;50(3):437-50. doi: 10.1002/prot.10286.
72. Minch MJ. An introduction to hydrogen bonding New York: Oxford University Press; 1997.
73. Morla S, Makhija A, Kumar S. Synonymous codon usage pattern in glycoprotein gene of rabies virus. *Gene* 2016;584(1):1-6. doi: 10.1016/j.gene.2016.02.047.
74. Ali M, Pandey RK, Khatoon N, Narula A, Mishra A, Prajapati VK. Exploring dengue genome to construct a multi-epitope-based subunit vaccine by utilizing immunoinformatics approach to battle against dengue infection. *Sci Rep* 2017;7(1):9232. doi: 10.1038/s41598-017-09199-w.
75. Yang Z, Bogdan P, Nazarian S. An in silico deep learning approach to multi-epitope vaccine design: a SARS-CoV-2 case study. *Sci Rep* 2021;11(1):3238. doi: 10.1038/s41598-021-81749-9.
76. de Wilde AH, Snijder EJ, Kikkert M, van Hemert MJ. Host Factors in Coronavirus Replication. *Curr Top Microbiol Immunol.* 2018;419:1-42. doi: 10.1007/82\_2017\_25.
77. Guo S, Liu K, Zheng J. The Genetic Variant of SARS-CoV-2: would It Matter for Controlling the Devastating Pandemic? *Int J Biol Sci* 2021; 17(6): 1476-85. doi: 10.7150/ijbs.59137
78. Roush SW, Murphy TV; Vaccine-Preventable Disease Table Working Group. Historical comparisons of morbidity and mortality for vaccine-preventable diseases in the United States. *JAMA* 2007;298(18):2155-63. doi: 10.1001/jama.298.18.2155.
79. Callaway E. Fast-spreading COVID variant can elude immune responses. *Nature* 2021;589(7843):500-1. doi: 10.1038/d41586-021-00121-z.
80. Islam MR, Hoque MN, Rahman MS, Alam ASMRU, Akther M, Puspo JA, et al. Genome-wide analysis of SARS-CoV-2 virus strains circulating worldwide implicates heterogeneity. *Sci Rep* 2020;10(1):14004. doi: 10.1038/s41598-020-70812-6.
81. Oluwagbemi OO, Oladipo EK, Kolawole OM, Oloke JK, Adelusi TI, Irewolede BA, et al. Bioinformatics, Computational Informatics, and Modeling Approaches to the Design of mRNA COVID-19 Vaccine Candidates. *Computation* 2022; 10(7): 117. <https://doi.org/10.3390/computation10120211>
82. Nezafat N, Ghasemi Y, Javadi G, Khoshnoud MJ, Omidinia E. A novel multi-epitope peptide vaccine against cancer: an in-silico approach. *J Theor Biol* 2014;349:121-34. doi: 10.1016/j.jtbi.2014.01.018.
83. Lee S, Nguyen MT. Recent advances of vaccine adjuvants for infectious diseases. *Immune Netw* 2015; 15(2): 51-7. doi: 10.4110/in.2015.15.2.51
84. Oyarzun P, Kobe B. Computer-aided design of T-cell epitope-based vaccines: addressing population coverage. *Int J Immunogenet* 2015; 42(5): 313-21. <https://doi.org/10.1111/iji.12214>
85. Chukwudozie OS, Gray CM, Fagbayi TA, Chukwuanukwu RC, Oyebanji VO, Bankole TT, et al. Immuno-informatics design of a multimeric epitope peptide-based vaccine targeting SARS-CoV-2 spike glycoprotein. *PLoS One* 2021;16(3):e0248061. doi: 10.1371/journal.pone.0248061.
86. Durdagi S, Tahir Ul Qamar M, Salmas RE, Tariq Q, Anwar F, et al. Investigating the molecular mechanism of staphylococcal DNA gyrase inhibitors: A combined ligand-based and structure-based resources pipeline. *J Mol Graph Model* 2018;85:122-9. doi: 10.1016/j.jmkgm.2018.07.010.

- 87.** Gopalakrishnan K, Sowmiya G, Sheik SS, Sekar K. Ramachandran plot on the web (2.0). *Protein Pept Lett* 2007;14(7):669-71. doi: 10.2174/092986607781483912.
- 88.** Galanis KA, Nastou KC, Papandreou NC, Petichakis GN, Pigis DG, Iconomidou VA. Linear B-Cell Epitope Prediction for In Silico Vaccine Design: A Performance Review of Methods Available via Command-Line Interface. *Int J Mol Sci* 2021;22(6):3210. doi: 10.3390/ijms22063210.
- 89.** Abraham Peele K, Srihansa T, Krupanidhi S, Ayyagari VS, Venkateswarulu TC. Design of multi-epitope vaccine candidate against SARS-CoV-2: a in-silico study. *J Biomol Struct Dyn* 2021;39(10):3793-801. doi: 10.1080/07391102.2020.1770127.
- 90.** Pandey RK, Bhatt TK, Prajapati VK. Novel Immunoinformatics Approaches to Design Multi-epitope Subunit Vaccine for Malaria by Investigating Anopheles Salivary Protein. *Sci Rep* 2018; 8(1): 1125. doi:10.1038/s41598-018-19456-1
- 91.** Khalid K, Irum S, Ullah SR, Andleeb S. In-Silico Vaccine Design Based on a Novel Vaccine Candidate Against Infections Caused by *Acinetobacter baumannii*. *Int J Pept Res Ther* 2022;28(1):16. doi: 10.1007/s10989-021-10316-7.