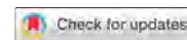


Mimetismo molecular entre el principal alérgeno del ciempiés (*Scolopendra subspinipes*) Sco M 5 y proteínas de fuentes alérgicas. Análisis *in silico*



Molecular mimicry between the major allergen of the centipede (*Scolopendra subspinipes*) Sco M 5 and proteins from allergenic sources. *In silico* analysis.

Andrés Sánchez,^{1,3,4} Giovanni Díaz,² José Dussan,² Marlon Múnera,¹ Jorge Mario Sánchez-Caraballo⁴

¹ Grupo de Investigación Nuñista de Medicina (GINUMED) Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena, Colombia.

² Grupo de investigación de Toxicología, Salud y Ambiente (TOXSA), Corporación Universitaria Rafael Núñez, Cartagena, Colombia.

³ Grupo de Tecnología farmacéutica, cosmética y de Alimentos (GITFCA), Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia.

⁴ Grupo de Alergología Clínica y Experimental (GACE), Hospital Alma Mater de Antioquia. Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

Correspondencia

Andrés Sánchez
andres.sanchez@curnvirtual.edu.co

Recibido: 20-01-2025

Aprobado: 16-03-2025

Publicado: 30-06-2025

DOI: <https://doi.org/10.29262/ram.v72i2.1460>

ORCID

Andrés Sánchez

0000-0001-7460-3427

Jorge Sánchez

0000-0001-6341-783X

Marlon Múnera

0000-0003-3428-0541

Giovanni Díaz

0000-0003-4396-2886

José Dussan

0000-0002-5751-4825

Resumen

Objetivo: Evaluar la reactividad cruzada entre Sco m 5 y proteínas de artrópodos mediante análisis *in silico* e identificar posibles epítopes de unión a IgE.

Métodos: La homología de Sco m 5 y 15 alérgenos de artrópodos (*Vespula*, *Polistes*, *Polybia*, *Solenopsis*, *Brachyponera*, *Phoneutria* y *Dermatophagoides*) se evaluó con el servidor ALLERMATCH y PRALINE para alineamientos pareados y múltiples, respectivamente. Los árboles filogenéticos se realizaron a través del programa *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA). La predicción de epítopes se efectuó con el servidor Ellipro. La visualización de las proteínas se llevó a cabo con Pymol.

Resultados: El alineamiento múltiple arrojó una identidad del 50% y los alineamientos pareados entre Sco m 5 y las proteínas de artrópodos mostraron homología diversa. Dos epítopes lineales y uno conformacional se identificaron en Sco m 5, muy conservados en las proteínas de artrópodos estudiadas, como las abejas, avispas y hormigas.

Conclusión: La alta homología entre Sco m 5 y los alérgenos de otros artrópodos facilita la posible reactividad cruzada. La identificación de potenciales epítopes en regiones conservadas sustenta esta idea y sugieren puntos importantes para blancos terapéuticos en las alergias desencadenadas por venenos de artrópodos, especialmente *Scolopendra spp.* Es necesario emprender estudios *in vitro* e *in vivo* para demostrar estos hallazgos.

Palabras clave: Proteínas de artrópodos; IgE; Epítopes; Alérgenos de artrópodos; *Vespula*; *Polistes*; *Polybia*; *Solenopsis*; *Brachyponera*; *Phoneutria*; *Dermatophagoides*; Proteína de veneno con alta concentración de cisteína; alergia; Análisis *in silico*.

Abstract

Objective: To evaluate, through *in silico* analysis, the cross-reactivity between Sco m 5 and arthropod proteins and to identify potential IgE-binding epitopes.

Methods: The homology between Sco m 5 and 15 arthropod allergens (*Vespula*, *Polistes*, *Polybia*, *Solenopsis*, *Brachyponera*, *Phoneutria*, and *Dermatophagoides*) was assessed using the ALLERMATCH server for pairwise alignments and PRALINE for multiple alignments. Phylogenetic trees were constructed using Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA). Epitope prediction was performed with the Ellipro server. Protein visualization was carried out through PyMOL.

Results: The multiple alignment showed 50% identity, and the pairwise alignments between Sco m 5 and arthropod proteins revealed diverse homology. Two linear epitopes and one conformational epitope were identified in Sco m 5, which were highly conserved in the studied arthropod proteins, such as bees, wasps, and ants.

Conclusion: The high homology between Sco m 5 and allergens from other arthropods supports the potential for cross-reactivity. The identification of potential epitopes in conserved regions reinforces this idea and could serve as important targets for therapeutic interventions in allergies triggered by arthropod venoms, especially *Scolopendra spp.* Further *in vitro* and *in vivo* studies are needed to confirm these findings.

Keywords: Arthropod proteins; IgE; Epitopes; Arthropod allergens; *Vespula*; *Polistes*; *Polybia*; *Solenopsis*; *Brachyponera*; *Phoneutria*; *Dermatophagoides*; High-cysteine venom protein; Allergy; *In silico* analysis.

ANTECEDENTES

La prevalencia de alergias se ha incrementado vertiginosamente en todo el mundo, convirtiéndose en un problema de salud pública.¹ Cada año, la descripción de nuevos alérgenos permite el diagnóstico certero y la implementación de medidas específicas, además de evitar el contacto con alérgeno o el uso de tratamientos moduladores, como la inmunoterapia alérgeno-específica.²

Las alergias a artrópodos son respuestas que tienden a ser graves y van desde reacciones cutáneas locales hasta reacciones sistémicas potencialmente mortales, como la anafilaxia, sobre todo las reacciones a venenos de especies del género *Hymenoptera*.³ Sin embargo, otros artrópodos también poseen componentes capaces de desencadenar alergias. Un ejemplo notable es el género *Scolopendra* que contiene, entre otras especies, el popularmente conocido “ciempiés”, que se encuentran distribuidos en zonas tropicales y subtropicales, y cuyas picaduras pueden causar dolor intenso y manifestaciones cutáneas locales: eritema, vesículas hemorrágicas, ampollas, pústulas y necrosis.^{4,5} Sin embargo, la evidencia de alergias al género *Scolopendra* es escasa, lo que plantea un desafío para el diagnóstico y tratamiento de estas reacciones. La identificación de nuevas fuentes y alérgenos, además de diversos factores asociados facilita la comprensión y el tratamiento en pacientes con tipo de enfermedades diversas.

En el 2019 se describió un nuevo alérgeno, Sco m 5, una proteína de veneno con alto contenido de cisteína (CAP) en el veneno de *Scolopendra subspinipes*, con capacidad de unión a la IgE y reacción cutánea demostrada por pruebas intraepidérmicas.⁶ En 2021, la IUIS enumera 106 nuevos alérgenos de diversas fuentes, incluido el Sco m 5. Se conoce que todos los escolopendromorfos son venenosos y los componentes moleculares son muy parecidos entre las diferentes especies del género.⁷ Además, otras especies de artrópodos, incluidos los himenópteros, tienen en común proteínas secretoras ricas en cisteínas (CAPs por sus siglas en inglés) en sus venenos, por lo que la determinación de la identidad de estas moléculas es relevante para entender su relevancia como desencadenante de alergias. Por lo tanto, es probable que, debido al alto

grado de homología entre las CAPs, se plantea la posibilidad de reactividad cruzada a través del mimetismo molecular. Con base en lo anterior, el objetivo de este estudio fue: Evaluar la reactividad cruzada entre Sco m 5 y proteínas de artrópodos mediante análisis *in silico* e identificar posibles epítopes de unión a IgE.

MÉTODOS

La metodología del análisis *in silico* se describe en la Figura 1.

Selección de proteínas y alineación

Para la selección de proteínas se realizó el análisis de comparación de la secuencia del alérgeno Sco m 5, obtenida de Uniprot (<https://www.uniprot.org/>) con secuencias de proteínas existentes con el programa de la web Allermatch (<https://allermatch.org/>). Se seleccionaron las secuencias con valores de identidad mínima del 39%. El conglomerado de secuencias se obtuvo de la base de datos Uniprot (<https://www.uniprot.org/>) y NCBI, por sus siglas en inglés (National Center

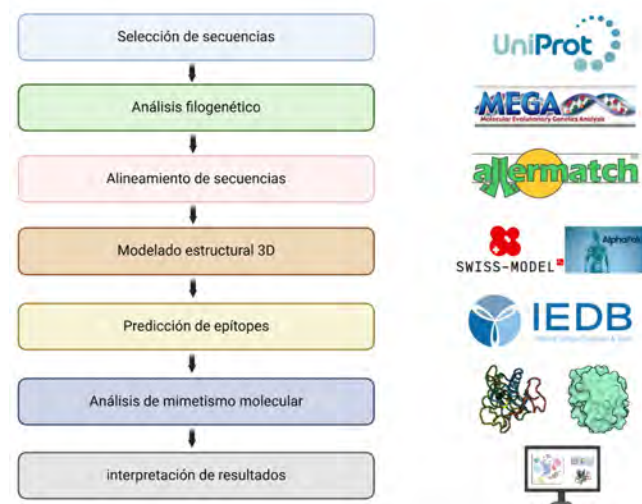


Figura 1. Diagrama de flujo para el análisis *in silico* de mimetismo molecular de Sco m 5 y alérgenos. La selección de secuencias se efectuó con UniProt; el análisis filogenético con MEGA; el alineamiento de secuencias con Allermatch; y el modelado estructural 3D se genera mediante SWISS-MODEL y AlphaFold. La predicción de epítopes con IEDB. El análisis de mimetismo molecular se apoya en herramientas de modelado estructural y superposición molecular. Finalmente, los resultados obtenidos se interpretan para evaluar la posible reactividad cruzada entre los alérgenos.

for Biotechnology Information). Debido a la variedad de origen y longitud de aminoácidos entre las moléculas estudiadas, se utilizaron de cobertura e identidad para establecer el grado de relación entre ellas. Los valores de identidad y cobertura entre las moléculas se determinaron con EMBOSS Needle (https://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_needle/), especializado para realizar alineamientos pareados y el servidor web de Praline (<http://www.ibi.vu.nl/>), que permite construir alineamientos pareados y múltiples. Al momento de realizar el alineamiento se consideró que las secuencias son diferentes y provienen de fuentes diferentes, por lo tanto, los parámetros para realizar el alineamiento se configuraron para BLOSUM62 (que evalúa principalmente la divergencia evolutiva) como matriz de intercambio y un ajuste de la matriz de puntuación condicional.

Análisis filogenético

La construcción del árbol filogenético se efectuó mediante el programa “Molecular Evolutionary Genetic Analysis” (MEGA) versión 11, utilizando el método de reconstrucción “Neighbor-Joining” soportado por Bootstrap con 100 repeticiones como medida de confiabilidad y robustez y las distancias evolutivas se calcularon con el método de corrección de Poisson. El modelo utiliza una matriz de comparación para encontrar similitudes entre secuencias. La matriz se construyó con todas las secuencias de aminoácidos de las proteínas seleccionadas. Todos los espacios vacíos se eliminaron (supresiones completas). A partir de la comparación global y de las homologías se presentó la suma de longitud de las ramas (SBL), que determina la cantidad y posición de nodos, incluidos los “clusters” de las secuencias evolutivamente más cercanas.⁸

Modelos 3D de las proteínas

Los modelos de las proteínas evaluadas se adquirieron por Protein Data Bank y AlphaFold. Por su parte, las proteínas sin estructura 3D definida se modelaron por homología con el servidor Swiss Model (<https://swissmodel.expasy.org/>), tomando en cuenta para la selección de estos parámetros como: GMQE (Global Model Quality Estimate), QMEAN score, porcentaje de identidad y gráfico de Ramachandran; y se refinaron

en ModRefiner (<https://zhanggroup.org/ModRefiner/>), un algoritmo para el refinamiento de la estructura de proteínas de alta resolución a nivel atómico.

Predicción de epítopes

Los modelos se emplearon para identificar los residuos expuestos en la superficie con Ellipro (<http://tools.iedb.org/ellipro/>), con la intención de predecir epítomos lineales y discontinuos en la Sco m 5 de y las moléculas encontradas. Los epítomos potenciales fueron seleccionados con el criterio de score ≥ 7 , porque este valor evalúa qué tan expuesto se encuentra el residuo y la capacidad de unión del epítomo con el paratope.

RESULTADOS

Alergenos obtenidos y análisis de los alineamientos múltiples

Un total de 180 proteínas provenientes de 16 fuentes alergénicas tuvieron homología con Sco m 5. De estas, 15 mostraron identidades superiores al 30%, incluidas las especies de abejas, avispa, hormigas, ácaros y arácnidos (**Cuadro 1**). Estas proteínas se reportan como alérgenos de veneno tipo 5 (VA5) y/o Proteínas Venenosas Ricas en Cisteína (CRVP), excepto los alérgenos Der f 16, Sol s 2 y Sol i 4, que corresponden a la actividad proteasa de serina y alérgeno de veneno tipo IV, respectivamente, y para Sol i 4 aún no se conoce su actividad biológica.

La longitud de aminoácidos de las secuencias seleccionadas fue heterogénea; las longitudes más cortas fueron las de *Solenopsis saevissima* (Sol s 2) y *Solenopsis invicta* (Sol i 4) con 137 aminoácidos cada una, y el alérgeno Der f 6 del ácaro *Dermatophagoides farinae* tuvo la secuencia más larga con 279 aminoácidos. Las proteínas de las hormigas: *Solenopsis invicta* y *Solenopsis saevissima* resultaron con iguales valores de identidad y similitud de 69.2 y 84.6%, respectivamente, y mostraron la conservación más alta de las secuencias primarias, lo que sugiere una notable similitud estructural y funcional respecto a Sco m 5.

En cuanto a las especies del género *Vespula* (*V. flavopilosa*, *V. vulgaris*, *V. maculifrons*, *V. germanica*, *V. pennsylvanica* y *V. vidua*), el grado de conservación fue

Cuadro 1. Secuencias de proteínas seleccionadas por Allermatch comparadas con Sco m 5

Organismos	Nombre del alérgeno	Uniprot o NCBI entrada	Uniprot, Alphafold, PDB (estructura 3D)	Aminoácidos	Identidad	Similitud
1 <i>Scolopendra subspinipes</i>	Sco m 5	A0A5B8TW80	AF-A0A5B8TW80-F1	210	N/A	N/A
2 <i>Vespula flavopilosa</i>	Ves f 5	P35783	AF-P35783-F1	204	41.3%	62.5%
3 <i>Vespula vulgaris</i> YJ	Ves v 5	Q05110	1QNX X-ray AF-Q05110-F1	227	41.8%	63%
4 <i>Vespula maculifrons</i>	Ves m 5	P35760	AF-P35760-F1	204	42%	63.8%
5 <i>Vespula germanica</i>	Ves g 5	P35784	AF-P35784-F1	204	42%	63.8%
6 <i>Vespula pensylvanica</i>	Ves p 5	P35785	AF-P35785-F1	204	39.9%	61.2%
7 <i>Vespula vidua</i>	Ves vi 5	P35787	AF-P35787-F1	206	39%	61%
8 <i>Polybia scutellaris</i>	Pol s 5	Q7Z156	AF-Q7Z156-F1	207	39.2%	65.9%
9 <i>Polybia paulista</i>	Poly p 5	D4P2Y4	AF-D4P2Y4-F1	206	39.4%	64.6%
10 <i>Polistes gallicus</i>	Pol g 5	P83377	AF-P83377-F1	206	39.8%	65.2%
11 <i>Polistes dominula</i>	Pol d 5	P81656	AF-P81656-F1	227	39.8%	65.7%
12 <i>Brachyponera chinensis</i>	Pac c 3	C0ITL3	AF-C0ITL3-F1	199	39.7%	64.4%
13 <i>Solenopsis invicta</i>	Sol i 4	P35777	AF-P35777-F1	137	69.2%	84.6%
14 <i>Solenopsis saevissima</i>	No Allergen Name	D4P8F3	AF-D4P8F3-F1	137	69.2%	84.6%
15 <i>Dermatophagoides farinae</i>	Der f 6	P49276	AF-P49276-F1	279	48.1%	63%
16 <i>Phoneutria keyserlingi</i>	VA_PHOKE	P85860	AF-P85860-F1	147	40.2%	56.1%

Alérgenos con identidad mayor del 30% en relación con *Scolopendra subspinipes*. Los alérgenos con identidad mayor del 50% se resaltan en color morado. N/A: no aplica, porque es la secuencia de referencia.

más moderado, cuya identidad varió del 39 al 42% y las similitudes del 61 al 64%. Dentro de este grupo, *Vespula maculifrons* y *Vespula germanica* tuvieron mayores similitudes, con un 63,8%, lo que indica que aunque sus secuencias primarias no muestran una alta identidad, con Sco m 5, aún mantienen una estructura funcional considerablemente conservada. Respecto de las especies de *Polybia* y *Polistes*, se observó una tendencia similar a la de las especies pertenecientes al género *Vespula*, con valores de identidad en torno al 39% y similitudes un poco más elevadas, del 64 al 66%.

El alérgeno de *Dermatophagoides farinae* (Der f 6), con una identidad del 48.1% y similitud del 63%, y el alérgeno de la araña *Phoneutria keyserlingi* con una identidad del 40.2% y similitud del 56.1%, reportó el menor grado de conservación con Sco m 5. Esto refleja una mayor divergencia evolutiva, por lo que, aunque pueda compartir ciertos elementos funcionales básicos, la estructura general del alérgeno es significativamente diferente comparada con Sco m 5.

Resultados de árbol filogenético

El árbol filogenético de las secuencias proteicas alergénicas de cada especie se realizó teniendo en cuenta el vecino más cercano y no en relación con el ancestro común. La distancia de las ramas del árbol filogenético fue de 0.2 (divergencia baja) y se utilizó como referencia para agrupar las especies más cercanas en tres clados: A, B y C. Por su cercanía en el clado A (6 secuencias) se agruparon todas las especies de *Vespulas*, en el clado B (5 secuencias) todas las especies de *Polistes*, *Polybia*, y *Brachyponera*, y en el clado C (3 secuencias) las especies de *Solenopsis* y *Dermatophagoides*. La secuencia de la especie *Phoneutria Keyserlingi* y Sco m 5 fueron las más distantes y no se agruparon en ninguno de los tres clados. **Figura 2**

Se realizaron siete alineamientos múltiples, un primer alineamiento de las 15 secuencias alergénicas seleccionadas con Sco m 5, los otros seis de los clados, 3 de ellos para las secuencias de cada clado y los otros tres

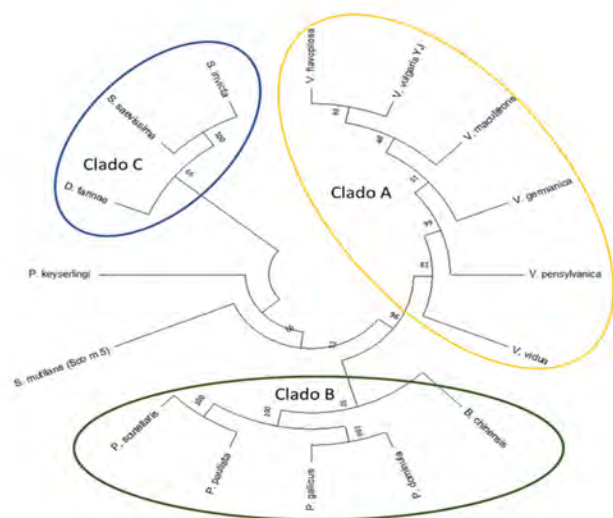


Figura 2. Árbol filogenético de las secuencias alergénicas, llevado a cabo con el método del vecino más cercano. Se obtuvieron tres clados designados con las letras A, B y C.

para las secuencias de cada clado con Sco m 5. El alineamiento múltiple de la comparación de Sco m 5 con los 15 homólogos alergénicos arrojó una identidad de 50%, con regiones que mostraron un grado mediano de conservación entre las proteínas estudiadas. **Figura 3**

Los alineamientos de los clados A, B, y C arrojó valores de identidad del 88, 72 y 50% respectivamente, con un alto grado de identidad entre las secuencias de los clados A y B. **Figura 4, A, B, C**

El alineamiento múltiple de Sco m 5 con los alérgenos de los clados A, B y C reportó valores de identidad del 77, 64 y 33%, respectivamente. Se observaron regiones conservadas (en rojo y naranja) entre las proteínas comparadas, predominando estas regiones en los clados A y B, donde se encontró mayor similitud con Sco m 5. **Figura 5 A, B, C**

Predicción de epitopes

En la predicción de epitopes se identificaron un total de 16 posibles epitopes de unión a IgE en el alérgeno Sco m 5, de los que siete fueron lineales y nueve conformacionales. De acuerdo con el puntaje, la ubicación y exposición de estos epitopes, solo 2 lineales y 1 conformacional cumplieron con los criterios para incluirse en el estudio. **Figura 6 A y B**

De los tres epitopes obtenidos, dos se encontraron en regiones conservadas entre los alérgenos estudiados de los clados A y B. Esto refuerza la hipótesis de reactividad cruzada por mimetismo molecular, en particular con los componentes proteicos del veneno de *Vespa*, *Polistes*, *Polybia* y *Brachyponera*.

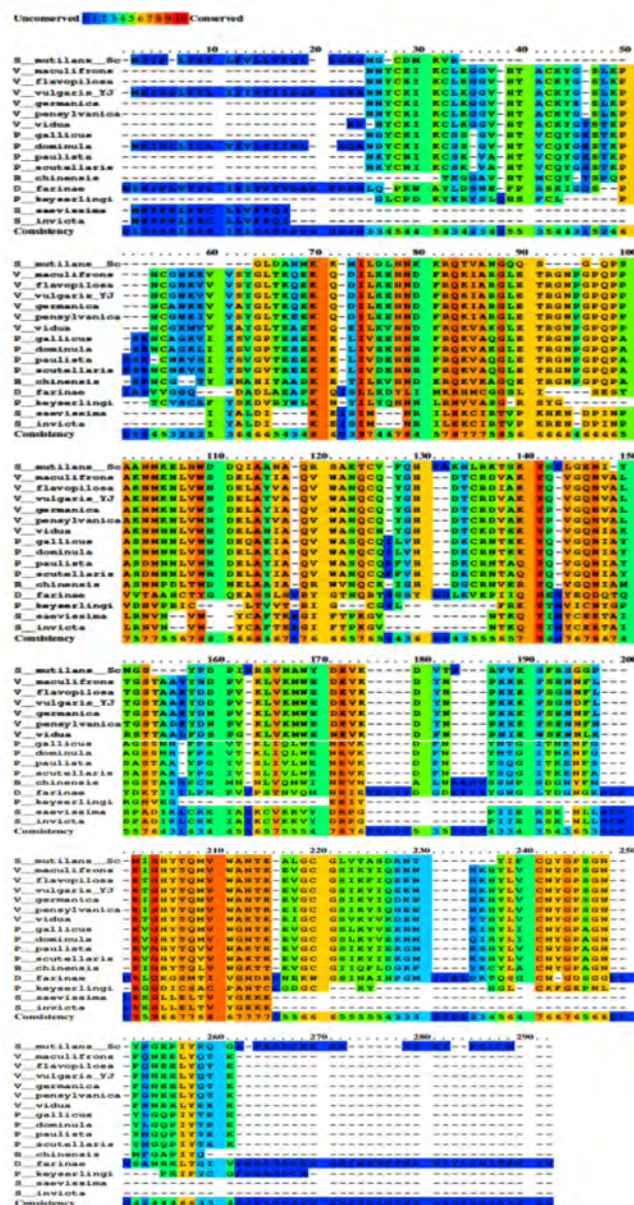


Figura 3. Alineamiento múltiple de secuencias alergénicas. El alineamiento de las secuencias alergénicas se realizó con el programa Praliné (<http://www.ibi.vu.nl/>). Los colores representan el grado de conservación: el azul indica el menos conservado y el rojo el de mayor conservación.

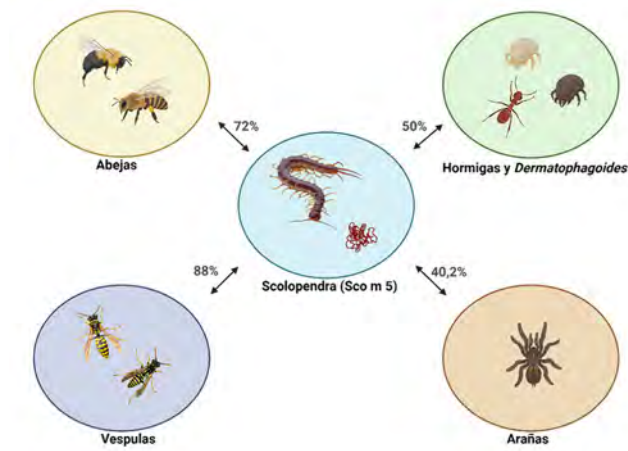
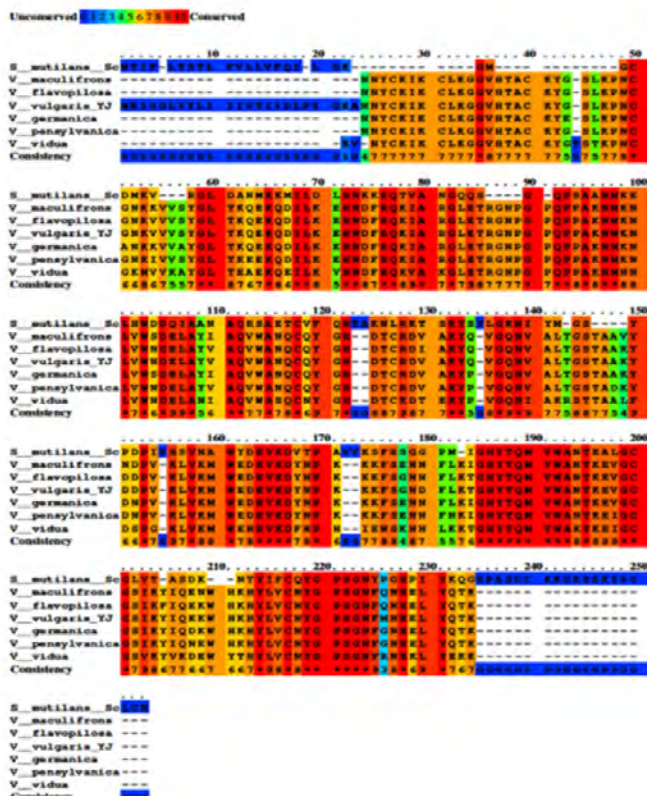


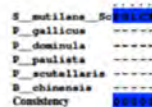
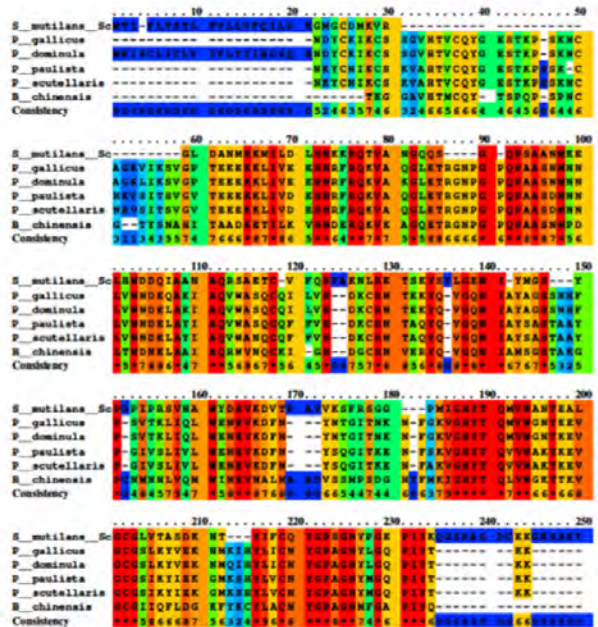
Figura 4. Alineamientos múltiples de los clados A, B, C y el alérgeno Sco m 5. Identidad entre el alérgeno rico en cisteína Sco m 5 de *Scolopendra subspinipes* y proteínas alergénicas de distintos grupos de artrópodos, incluidas abejas (72%), avispas (88%), hormigas y ácaros (50%), y arañas (40.2%).

Clado A



Clado B

Unconserved 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 Conserved



Clado C

Unconserved 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 Conserved

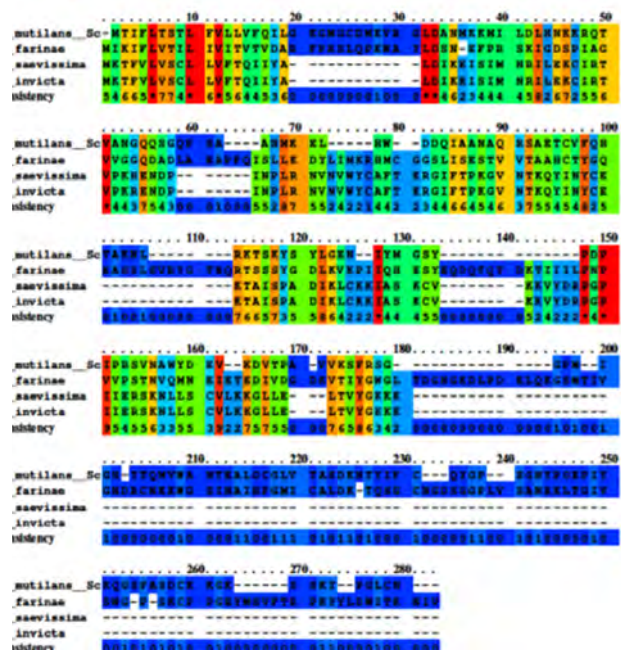


Figura 5. Alineamientos múltiples de los clados A, B y C, incluido Sco m 5. Alineamientos según los clados. El color azul representa menor conservación y el rojo conservados.

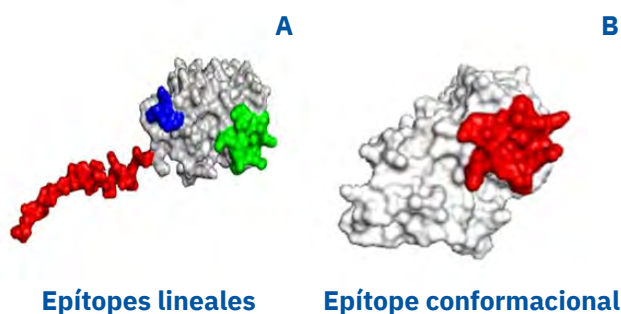


Figura 6. Epítopes lineales y conformacionales en la superficie de Sco m 5. Los modelos de superficie representan la posición por los epítopes predichos en Sco m 5. Todos los epítopes se indican en color, según el nivel de confianza (de mayor a menor; rojo, verde y azul) en los patrones de la superficie.

DISCUSIÓN

Las picaduras de insectos contienen una compleja mezcla de proteínas y péptidos tóxicos que pueden reconocerse por la IgE y desencadenar una respuesta alérgica. Dentro de las principales fuentes de sensibilización se encuentran las especies pertenecientes al género *Hymenoptera*, y su principal componente de sensibilización son las fosfolipasas.³ Otros artrópodos, como los miriápodos, también contienen venenos con componentes capaces de desencadenar alergia, como es el caso del ciempiés del género *Scolopendra sp.*⁹

El veneno del ciempiés está compuesto por diversas sustancias bioactivas que afectan a diferentes sistemas en el humano.⁹ Algunos componentes del veneno tienen capacidad antimicrobiana, toxicidad hematológica y enzimas (metalopeptidasas, serinas peptidasas, γ -glutamyl transpeptidasa, fosfolipasa A2, hidrolasas glucosídicas, quitinasa, lisozima y hialuronidasa). Los componentes moleculares son similares entre el veneno de las diferentes especies del género. Por lo tanto, es probable que, debido al alto grado de identidad con componentes del veneno de otras especies exista reactividad cruzada por mimetismo molecular. Esta hipótesis se respalda por los resultados de nuestro estudio, en donde describimos por primera vez un total de 16 alérgenos que mostraron identidades superiores al 30% con Sco m 5.

Las proteínas de veneno ricas en cisteínas (CAPs) son un componente importante del veneno de diversas especies, por ejemplo: el alérgeno principal de *Scolopendra sp* (Sco m 5), que representa una proteína altamente conservada. A diferencia de la fosfolipasa, no se han realizado evaluaciones extensivas de una posible reactividad cruzada con otras proteínas de la misma familia, perteneciente a otras fuentes alérgicas. A la fecha, este es el primer trabajo que evalúa a través de diversas herramientas bioinformáticas la posible reactividad cruzada entre Sco m 5 y proteínas de diversas fuentes alérgicas y la identificación de posibles epítopes de unión con IgE. Los accidentes de inoculación de venenos por *Scolopendra sp* reportan efectos menores: dolor moderado a grave, asociado con inflamación local,¹⁰ incluso se han reportado casos esporádicos de anafilaxia,⁴ confundiendo la posible reacción alérgica con las reacciones adversas por envenenamiento. El género *Scolopendra* es cosmopolita y de acuerdo con nuestros resultados, los individuos expuestos al veneno pueden desencadenar respuestas alérgicas con diferentes fuentes de veneno provenientes de otras especies, como abejas y avispas, por reactividad cruzada.⁶

Los análisis filogenéticos mostraron distancias evolutivas muy cortas, con alta conservación entre las diferentes secuencias y apoyan la posibilidad de reactividad cruzada por mimetismo molecular. El mimetismo molecular juega un papel fundamental en la reactividad cruzada entre alérgenos de artrópodos, debido a la alta similitud estructural y secuencial que muestran ciertas proteínas en diferentes especies. Este fenómeno se origina cuando los epítopes de alérgenos en una especie, como los ácaros del polvo o ciertos insectos, comparten estructuras similares con alérgenos de otras especies de artrópodos, lo que provoca respuestas inmunológicas cruzadas en individuos sensibilizados. En estudios previos se ha informado el alto grado de conservación entre las fosfolipasas de diferentes especies uno de los componentes más representativos en el veneno de los artrópodos (incluidas las especies de abejas, avispas, hormigas, arañas y escorpiones), con identidades en las secuencias superiores al 79% y, además, caracterizando posibles epítopes que explican la reactividad cruzada.^{3,11} Respecto a las CAPs, la identidad entre la Sco m 5 y los 15 alérgenos fue menor a lo reportado con las fosfolipasas, pero al formar los clados, el A mostró identidades del 77%,

lo que sugiere una mayor identidad entre las CAPs de *vespulas* y *Scolopendra*, y evidencia que estas proteínas pueden tener regiones funcionales comunes y, en consecuencia, reactividad cruzada. En el clado C, las fuentes alergénicas del ácaro *Dermatophagoides* y hormigas no reportaron alta identidad (33%). Esto coincide con los resultados de las fosfolipasas, donde la proteína de la hormiga tiene identidades cercanas al 37% con las avispas y abejas, y baja probabilidad de reactividad cruzada.¹²

Dentro de las limitantes de este estudio se encuentran: existe poca información acerca de este alérgeno, y la evaluación del papel de este alérgeno en pacientes alérgicos a los artrópodos, a la fecha, es limitada. También, es importante considerar que las aproximaciones de los resultados *in silico* deben evaluarse con estudios *in vivo* e *in vitro* para confirmar los hallazgos obtenidos. Sin embargo, los análisis *in silico* son herramientas robustas que permiten establecer el curso de investigaciones futuras para disminuir costos y tiempo.

CONCLUSIÓN

Existe elevada probabilidad de reactividad cruzada entre Sco m 5 y proteínas de otros artrópodos, especialmente himenópteros. La identificación de potenciales epítopes en regiones conservadas sustenta esta idea y pueden ser puntos importantes para blancos terapéuticos en las alergias desencadenadas por venenos de artrópodos, especialmente en los poco estudiados (especies del género *Scolopendra spp*).

Conflicto de intereses

Los autores de este estudio declaran no tener conflictos de intereses.

FINANCIAMIENTO

Ninguno que declarar.

REFERENCIA

1. Sánchez J, Sánchez A, Cardona R. Exposición y sensibilización a insectos en pacientes alérgicos en el trópico. *Biomédica* 2018; 38 (Sup. 2): 80-6. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v38i3.3801>
2. Sánchez J, Cardona R, Caraballo L, Serrano C, et al. Inmunoterapia con alérgenos: mecanismos de acción, impacto terapéutico y socioeconómico Consenso de la Asociación Colombiana de Alergias, Asma e Inmunología. *Biomédica* (Bogotá) 2016; 463-74. <http://www.revistabiomedica.org/index.php/biomedica/article/view/3183>
3. Emiliani Y, Sánchez A, Munera M, Sánchez J, et al. In silico analysis of cross reactivity among phospholipases from Hymenoptera species. *F1000Res* 2021; 10: 2. <https://doi.org/10.12688/f1000research.27089.2>
4. Washio K, Masaki T, Fujii S, Hatakeyama M, et al. Anaphylaxis caused by a centipede bite: A “true” type-I allergic reaction. *Allergol Int* 2018; 67 (3): 419-20. <https://doi.org/10.1016/j.alit.2018.01.005>
5. Ross EJ, Jamal Z, Yee J. Centipede Envenomation. En: *StatPearls*. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK542312/>
6. Lan XQ, Zhao F, Wang QQ, Li JH, et al. Isolation and characterization of the major centipede allergen Sco m 5 from *Scolopendra subspinipes mutilans*. *Allergol Int* 2021; 70 (1): 121-8. <https://doi.org/10.1016/j.alit.2020.06.003>
7. Sudharson S, Kalic T, Hafner C, Breiteneder H. Newly defined allergens in the WHO/IUIS Allergen Nomenclature Database during 01/2019-03/2021. *Allergy* 2021; 76 (11): 3359-73. <https://doi.org/10.1111/all.15021>
8. Sánchez A, Cardona R, Munera M, Sánchez J. Identification of antigenic epitopes of thyroperoxidase, thyroglobulin and interleukin-24. Exploration of cross-reactivity with environmental allergens and possible role in urticaria and hypothyroidism. *Immunol letters* 2020; 220: 71-78
9. Han Y, Kamau PM, Lai R, Luo L. Bioactive Peptides and Proteins from Centipede Venoms. *Molecules* 2022; 27 (14): 4423. <https://doi.org/10.3390/molecules27144423>
10. Balit CR, Harvey MS, Waldock JM, Isbister GK. Prospective study of centipede bites in Australia. *J Toxicol Clin Toxicol* 2004; 42 (1): 41-8. <https://doi.org/10.1081/clt-120028743>
11. Perez-Riverol A, Lasa AM, Dos Santos-Pinto JRA, Palma MS. Insect venom phospholipases A1 and A2: Roles in the envenoming process and allergy. *Insect Biochem Mol Biol* 2019; 105: 10-24. <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2018.12.011>
12. Hoffman DR, Sakell RH, Schmidt M. Sol i 1, the phospholipase allergen of imported fire ant venom. *J Allergy Clin Immunol* 2005; 115 (3): 611-6. <https://doi.org/10.1016/j.jaci.2004.11.020>