

Revisión sistemática de protocolos ya establecidos para el estudio de la viroporina P7 mediante simulación Biomolecular.

Systematic review of established protocols for the study of viroporin P7 using biomolecular simulation.

Gutarra-García, Brandon Lee¹.

¹ Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga; Perú, Ayacucho;
<https://orcid.org/0009-0000-4550-4518>; brandon.gutarra.02@unsch.edu.pe

¹ Autor Correspondencia

 <https://doi.org/10.63618/omd/isj/v3/n4/149>

Cita: Gutarra-García, B. L. (2025). Revisión sistemática de protocolos ya establecidos para el estudio de la viroporina P7 mediante simulación Biomolecular. *Innova Science Journal*, 3(4), 441-449. <https://doi.org/10.63618/omd/isj/v3/n4/149>

Recibido: 18/07/2025

Aceptado: 25/09/2025

Publicado: 31/10/2025



Copyright: © 2025 por los autores. Este artículo es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos y condiciones de la Licencia Creative Commons, Atribución-NoComercial 4.0 Internacional. (CC BY-NC).

(<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>)

Resumen: Las viroporinas, como la proteína P7 asociada al virus de la Hepatitis C, son pequeñas proteínas hidrófobas que actúan como factores de virulencia al formar canales iónicos esenciales para el ensamblaje y liberación de partículas virales en células hospedadoras. El objetivo de este estudio fue realizar una revisión sistemática sobre la simulación biomolecular de la viroporina P7. Se consultaron fuentes científicas indexadas, seleccionando 20 trabajos relevantes entre 540 resultados iniciales, excluyendo aquellos que no se ajustaban al tema. Los estudios analizados emplearon diversos enfoques computacionales, como el acoplamiento molecular, escalas de simulación y dinámica molecular. Tras comparar los métodos, se determinó que la dinámica molecular es la técnica más eficaz por su precisión y aplicabilidad. Además, se concluyó que el software Amber es el más adecuado para simulación, mientras que Unipro UGENE destaca para el análisis de datos por su facilidad de uso y bajo margen de error.

Palabras clave: Docking; viroporinas; viroporina P7; simulación biomolecular; dinámica molecular; protocolos de estudio de biomoléculas.

Abstract: Viroporins, such as the P7 protein associated with the hepatitis C virus, are small hydrophobic proteins that act as virulence factors by forming ion channels essential for the assembly and release of viral particles in host cells. The objective of this study was to conduct a systematic review of the biomolecular simulation of the P7 viroporin. Indexed scientific sources were consulted, selecting 20 relevant papers from 540 initial results, excluding those that did not fit the topic. The studies analyzed used various computational approaches, such as molecular docking, simulation scales, and molecular dynamics. After comparing the methods, molecular dynamics was determined to be the most effective technique due to its accuracy and applicability. In addition, it was concluded that Amber software is the most suitable for simulation, while Unipro UGENE stands out for data analysis due to its ease of use and low margin of error.

Keywords: Docking; viroporins; viroporin P7; biomolecular simulation; molecular dynamics; biomolecule study protocols.

1. Introducción

La prevalencia de virus patógenos y la escasez de opciones de tratamiento eficaces para las enfermedades que causan, justifican una mayor investigación sobre la fisiología básica y los mecanismos patógenos de estos virus. Durante la última década, una familia de proteínas virales en expansión se ha convertido en un tema de gran interés debido a su papel central en el ciclo de vida viral. Estas proteínas, denominadas viroporinas, participan en la replicación y el ensamblaje del genoma viral, así como en la entrada y liberación de partículas de virus en las células infectadas (González, 2003)

El virus que produce la hepatitis C (VHC) es una de las causas principales en enfermedades del tipo hepáticas tanto graves como crónicas, en tanto que los antivirales están demostrando éxito clínico con enfermedades que están estrechamente relacionadas con el virus de la hepatitis C (VHC), pero al ser un virus que se encuentra en constante mutación existe una necesidad de elaborar mejores fármacos antivirales siendo una de las principales dianas de estos fármacos la proteína viral P7 (Wei et al., 2021).

Actualmente la P7 es una de las proteínas virales de gran importancia ya que es una pequeña proteína hidrófoba la cual está ubicada entre las regiones estructurales y no estructurales de la poliproteína (Griffin et al., 2003). La proteína integral de membrana P7 (viroporina), actúa como canal iónico dependiente de calcio en el retículo endoplásmico, y es necesaria para la morfogénesis y secreción de partículas virales infecciosas (Salvatierra, 2017). P7, que se encuentra principalmente en el retículo endoplásmico (RE), es una proteína asociada a la membrana. Actuales estudios estructurales han corroborado que la viroporina P7 presenta dos tipos de hélices α transmembrana (TM) las cuales están unidas por un bucle citoplasmático dibásico corto (Behmard et al., 2018). La actividad de la viroporina probablemente está regulada por diferencias en los componentes y estructuras de las bicapas lipídicas orgánicas y de la membrana plasmática. Los virus que tienen defectos en las viroporinas no pueden lograr el ensamblaje y la liberación adecuados en las células (Nieva et al., 2012).

Por esta razón la viroporina P7 cumple un rol muy importante en la infección del virus de la hepatitis C (VHC), por eso se ha estudiado muy a fondo la estructura de la proteína P7 por lo cual se puede afirmar que esta proteína es una combinación de complejos heptaméricos y hexaméricos en liposomas (Llanes et al., 2015), también se sabe que esta proteína tiene una función inmunológica ya que ayuda a evadir el sistema inmunológico del hospedador también es considerado como un potencial antígeno de vacuna ya que puede inducir a las células T CD4 y T CD8 a destruir las células hepáticas que van a expresar el antígeno VHC, para determinar con exactitud dicho proceso la única forma actualmente es mediante microscopía electrónica o los métodos de simulación molecular, que es parte de la bioinformática (Shiryayev et al., 2018).

Los diferentes métodos actuales de simulación molecular surgieron en necesidad para las diferentes áreas de la ciencia con la finalidad de coadyuvar y facilitar el estudio de aquellas moléculas las cuales es difícil observar por medio de microscopía electrónica o que tengan tiempos de equilibrios en escalas minúsculas de tiempo como son los nanosegundos que es complicado su medición en el laboratorio (Vieyres et al., 2013), o en muchos casos es utilizado para determinar de una mejor manera su dinámica molecular y está puede ser entendida con mayor facilidad y claridad por distintos

métodos numéricos y herramientas bioinformáticas. Se puede mencionar que algunas de las aplicaciones y usos de los distintos métodos de simulación molecular han sido de gran apoyo, de estos se puede mencionar como la simulación molecular facilita el estudio de macromoléculas como el ADN, proteínas (desde la estructura primaria hasta la cuaternaria), modelización de materiales nuevos e inclusive la de distintos cristales líquidos (Pérez, 2014).

Las moléculas proteicas que es la P7 que son viroporinas de importancia clínica, ya que estas otorgan la virulencia asociada a enfermedad en hospedadores susceptibles, es importante el realizar los estudios correspondientes de estas moléculas, para el propósito del mismo se utiliza los métodos bioinformáticos basados en simulación molecular (Vivas et al., 2016).

De aquí nace la importancia de revisar las diferentes herramientas que están siendo más utilizadas para el estudio de distintos tipos de biomoléculas, así mismo como la revisión de otros softwares que estarán disponibles en un futuro cercano que simplificarán las simulaciones. También es crucial el comprender los variados fundamentos del cómo funcionan los métodos de simulación molecular, ya que, de lo contrario, se estaría desarrollando un proceso como si fuera una caja negra, en el cual como quién dice por “arte de magia” aparecen los resultados y no se pueden determinar las restricciones que presenta el modelo (Hinckley et al., 2013).

El objetivo del trabajo es realizar una revisión sistemática de los distintos protocolos para el estudio correcto de las viroporinas P7 mediante el uso de simulaciones moleculares.

2. Materiales y Métodos

2.1. Diseño metodológico.

Con el fin de comparar los protocolos ya establecidos para el estudio de las viroporinas P7, por simulación biomolecular, se realizó una revisión sistemática de documentos científicos y sitios web indexados a importantes revistas de carácter científico referidos al tema.

2.2. Estrategia de búsqueda.

La búsqueda de documentos científicos concernientes a nuestro tema se realizó en el buscador “google scholar” usándose palabras clave tales como: Docking, viroporinas, viroporina P7, simulación biomolecular, dinámica molecular, protocolos de estudio de biomoléculas, con la cual se obtuvo resultados de búsqueda que incluían el tema y otros que se alejaban del objetivo del presente trabajo, por lo que fue necesario reforzar la búsqueda por tópicos como el uso del tema en inglés porque la mayoría de trabajos de este tema se encuentran en este idioma, se usó “DOCKING AND VIROPORIN” para facilitar la búsqueda de documentos específicos de nuestro tema de estudio se hizo la búsqueda de información en la web de las bases de datos: Scielo, Scencedirect y en la revista científica: Nature, por su carácter de confiabilidad de información y la calidad de los trabajos académicos que presenta cada una de estas.

2.3. Análisis de la información.

Nuestra estrategia fue utilizar herramientas como la del análisis sistemático y síntesis de documentos que sean de carácter científico los cuáles fueron seleccionados para este trabajo de investigación, y para poder reafirmar la confiabilidad y validez de esta revisión sistemática se usaron criterios de inclusión y exclusión para descartar artículos que carezcan de relevancia académica referente al tema, para así garantizar la solidez estructural y científica para que este trabajo aporte conocimientos de calidad y que las referencias sean verificables y que todas las citas posean la trazabilidad académica pertinente.

2.4. Consideraciones éticas.

La presente investigación no necesita de la aprobación ética específica al ser únicamente basada en datos e información bibliográfica. Sin embargo, se tuvo especial cuidado para citar adecuadamente todas las fuentes y autores utilizados en el presente trabajo.

Del total de documentos encontrados se realizó la selección y síntesis excluyendo aquellos documentos que cuyo formato o tema de estudio no pertenecían o se alejaban del tópico del presente trabajo.

3. Resultados

Se encontraron 540 resultados de búsqueda de las cuales filtramos los que eran relevantes o de suma importancia para nuestro trabajo usando como base 20 trabajos de las cuales realizamos la síntesis de toda la información que sea del todo relevante para nuestro trabajo los cuales se puede mencionar:

3.1. Virus de Hepatitis C

La hepatitis C es un tipo de enfermedad que afecta principalmente al hígado de forma crónica que puede ocasionar fibrosis, cirrosis y muchas veces carcinoma hepatocelular, esta enfermedad a nivel mundial al menos a afectado a 185 millones de personas y se estima que causa hasta 500 000 muertes cada año, durante un largo periodo de tiempo esta enfermedad ha sido un problema de salud pública por la falta de terapias antivirales efectivas así como también la carencia de una vacuna que sea 100% efectiva contra dicho virus (Campbell & Monje, 2023).

El virus de la hepatitis C es un virus de ARN de cadena positiva perteneciente a la familia de virus Flaviviridae, la cual fue descubierta en el año 1989 y hasta la actualidad se han identificado al menos 8 genotipos de VHC, además se ha confirmado que cada genotipo engloba docenas de subtipos lo cuales consisten únicamente en variaciones genéticas entre las diferentes cepas, esto es la principal causa de las mutaciones del genoma viral que muchas veces afectan al curso de la enfermedad y varían las respuestas antivirales (Lee et al., 2016).

De manera reciente se han implementado una gran cantidad de agentes antivirales contra el virus de la hepatitis C, con 3 puntos dianas de proteínas que son NS3/4A, NS5A y NS5B, con distintos mecanismos, siendo los antivirales Telaprevir y Boceprevir inhibidores de la NS3/4A y la Daclatasvir de la NS5A y finalmente el Sofusbuvir de la NS5B, en muchos casos estos fármacos presentan efectos secundarios, y

recientemente se está observando resistencia a estos antivirales, es crucial la búsqueda de una proteína que sea mejor diana y que no sea susceptible a cambios y mutaciones (Vieyres et al., 2013)

3.2. Viroporina P7

La proteína P7 del VHC es una viroporina hidrofóbica que se oligomeriza para formar canales iónicos en las membranas de la capa bilipídica de las células de hospedador por esa razón desempeñan una función crítica en las múltiples etapas del ciclo de vida viral para ayudar a la proliferación viral, he de ahí la importancia de esta viroporina ya que sería una excelente diana de nuevos fármacos antivirales ya que por ser de naturaleza hidrofoba los hace una diana excelente para los derivados de compuestos como los adamantanos (Amantadina y Rimantadina) (Wei et al., 2021), siendo una posible diana la P7 la cual está altamente relacionado con la desacidificación de unos compartimentos intracelulares, que son cruciales para que la infección por VHC sea productiva en el hospedador (Shiryayev et al., 2018). Por lo cual para poder estudiar y determinar mejor un modelo de homología molecular se tiene que recurrir a los métodos computacionales para observar mejor la dinámica molecular y el acoplamiento molecular, construyendo modelos de canales iónicos P7 del virus de la hepatitis C y se tendría que analizar los sitios de unión molecular donde tendrían que adherirse los inhibidores para así determinar que inhibidor es más optimo y cuáles podrían ser los modos de unión probables y el mecanismo que haga que funcione dicha dinámica por lo cual se tiene que acudir a miles de simulaciones biomoleculares para encontrar dichas probables soluciones para así de una vez proponer un mejor tratamiento a la gente que padece de esta enfermedad (Llanes et al., 2015).

Los métodos computacionales en bioinformática más utilizados y recomendados para la simulación biomolecular en base a las revisiones sistemáticas fueron:

AMBER, es un paquete de licencia libre el cual su utilidad radica que sirve para desarrollar distintas simulaciones de escala del tipo atómica, implementado inicialmente por investigadores de Alemania y Suecia. Este paquete está orientado a la realización de simulaciones de Dinámica Molecular para moléculas bioquímicas como el caso de ácidos nucleicos, lípidos y proteínas (Castellana Iglesias, 2017), así mismo el 3SPN.2, es un modelo “coarse-grained”, siendo el “coarse-grained” un modelado de grano grueso, que tiene como objetivo simular el comportamiento de sistemas complejos utilizando su representación de grano grueso, estos se utilizan ampliamente para el modelado molecular de biomoléculas en varios niveles de granularidad que fue desarrollado por investigadores de la Universidad de Wisconsin-Madison (Hinckley et al., 2013), y por último el paquete computacional GROMACS el cual es un paquete versátil para realizar dinámica molecular, es decir, simular las ecuaciones de movimiento de Newton para sistemas con cientos a millones de partículas. Está diseñado principalmente para moléculas bioquímicas como proteínas, lípidos y ácidos nucleicos que tienen muchas interacciones enlazadas complicadas, pero dado que GROMACS es extremadamente rápido para calcular las interacciones no enlazadas (que generalmente dominan las simulaciones), muchos grupos también lo utilizan para la investigación de sistemas biológicos (GROMACS, 2021).

Y en base a las revisiones sistemáticas realizadas, los métodos computacionales para el adecuado análisis de datos y el más recomendado según los distintos puntos de vista de los autores es:

Unipro UGENE, que es un software multiplataforma de código abierto con el objetivo principal de ayudar a los biólogos moleculares sin mucha experiencia en bioinformática a administrar, analizar y visualizar sus datos una aplicación multiplataforma de código abierto, que integra populares algoritmos y herramientas de bioinformática, proporcionando interfaces gráficas y de línea de comandos (Okonechnikov et al., 2012), así mismo se usó SWISS-MODEL que es un conjunto de herramientas de software y bases de datos para el modelado de homología de estructuras de proteínas totalmente automatizadas (Bienert et al., 2017).

4. Discusión

Según las revisiones sistemáticas realizadas se puede mencionar que, el mejor método de simulación molecular por su mayor facilidad y por los componentes del software, sería el método de dinámica molecular y el método computacional Amber respectivamente y para el análisis de los datos el Software Unipro UGENE es el más adecuado por su simplicidad de uso y sus resultados con poco margen de error que estas originan.

Con este presente trabajo de investigación se puede deducir que las simulaciones moleculares se pueden realizar a través de dos principales métodos: Montecarlo, implementado puede realizar distintos recorridos aleatorios para la exploración de un ensamble del tipo termodinámico y a la vez de Dinámica Molecular, los cuales se fundamentan en la resolución de ecuaciones de movimiento, utilizando los métodos de la mecánica estadística, a través de la evolución del sistema en el tiempo (Grados & Ballón, 2019) y se puede mencionar también que la dinámica molecular es el más adecuado para el estudio de las moléculas P7, y la aplicabilidad de esta presente investigación se podría ampliar para el estudio de las viroporinas que posee el virus del SARS-CoV-2 como la proteína ORF3a (Elbe y Buckland, 2017) y así desarrollar nuevos fármacos, o mecanismos para inhibir el desarrollo de esta proteína que es un factor de una virulencia asociado a la infección del coronavirus (Nieva et al., 2012), en caso del SARS-CoV-2 el más adecuado sería el algoritmo de Metadinámica que se ha desarrollado como una solución para el cálculo de la energía libre en sistemas complejos de simular utilizando los métodos tradicionales de simulación molecular (Contreras y Moreira, 2018).

Estos resultados nos indican la importancia sobre lo que implica este tema, que es el de desarrollar nuevos protocolos adecuados para el estudio de diversas moléculas mediante el uso de la simulación molecular, ya que algunas están fuertemente asociadas a factores de virulencia de enfermedades que afectan al ser humano, por ello no se debe de perder de vista la utilidad de las distintas herramientas bioinformáticas que actualmente presentan una utilidad en investigaciones de nuevas moléculas y nuevos tratamientos antirretrovirales así como también en la elaboración de nuevas vacunas.

5. Conclusiones

La presente revisión sistemática evidencia la relevancia crítica de las viroporinas, en particular la proteína P7 del virus de la hepatitis C (VHC), como dianas terapéuticas potenciales debido a su papel fundamental en el ciclo de vida viral, incluyendo la morfogénesis, ensamblaje y liberación de partículas virales. La constante mutación del VHC limita la eficacia de los tratamientos actuales, por lo que resulta esencial explorar nuevas estrategias terapéuticas apoyadas en herramientas bioinformáticas avanzadas. En este contexto, la simulación molecular se presenta como una metodología robusta para estudiar estructuras proteicas complejas y predecir interacciones moleculares clave. Entre los métodos revisados, la dinámica molecular destaca por su precisión y aplicabilidad, siendo el software Amber el más recomendable para su implementación. Asimismo, herramientas como Unipro UGENE y SWISS-MODEL facilitan el análisis y modelado estructural con alto grado de confiabilidad. Esta investigación no solo fortalece el enfoque para abordar la proteína P7 del VHC, sino que también abre nuevas posibilidades para el estudio de otras viroporinas de importancia clínica, como las presentes en el SARS-CoV-2, contribuyendo al desarrollo de fármacos antivirales más eficaces y específicos.

Referencias Bibliográficas

- Behmard, E., Abdolmaleki, P., y Taghdir, M. (2018). Understanding the inhibitory mechanism of BIT225 drug against p7 viroporin using computational study. *Biophysical Chemistry*, 233, 47-54. <https://doi.org/10.1016/j.bpc.2017.11.002>
- Bienert, S., Waterhouse, A., de Beer, T. A. P., Tauriello, G., Studer, G., Bordoli, L., y Schwede, T. (2017). The SWISS-MODEL Repository—New features and functionality. *Nucleic Acids Research*, 45(D1), D313-D319. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw1132>
- Campbell, O., y Monje, V. (2023). Lipid composition modulates interactions of p7 viroporin during membrane insertion. *Journal of Structural Biology*, 215(3), 108013. <https://doi.org/10.1016/j.jsb.2023.108013>
- Castellana Iglesias, L. (2017, junio). El modelado molecular como herramienta para el descubrimiento de nuevos fármacos que interactúan con proteínas [Info:eu-repo/semantics/bachelorThesis]. <https://eprints.ucm.es/id/eprint/55622/>
- Contreras y Moreira, B. (2018). Algoritmos en bioinformática estructural. <https://doi.org/10.20350/DIGITALCSIC/8544>
- Elbe, S., y Buckland, G. (2017). Data, disease and diplomacy: GISAID's innovative contribution to global health: Data, Disease and Diplomacy. *Global Challenges*, 1(1), 33-46. <https://doi.org/10.1002/gch2.1018>
- González, M. (2003). Viroporins. *FEBS PRESS*. <https://febs.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1016/S0014-5793%2803%2900780-4>
- Grados, R. E., y Ballón, W. G. (2019, septiembre 26). Acomplamiento molecular: Criterios prácticos para la selección de ligandos biológicamente activos e

identificación de nuevos blancos terapéuticos.
http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2310-02652019000200006

Griffin, S. D. C., Beales, L. P., Clarke, D. S., Worsfold, O., Evans, S. D., Jaeger, J., Harris, M. P. G., y Rowlands, D. J. (2003). The p7 protein of hepatitis C virus forms an ion channel that is blocked by the antiviral drug, Amantadine. *FEBS Letters*, 535(1-3), 34-38. [https://doi.org/10.1016/S0014-5793\(02\)03851-6](https://doi.org/10.1016/S0014-5793(02)03851-6)

GROMACS. (2021, julio 20). GROMACS. GROMACS. <http://www.gromacs.org/>

Hinckley, D. M., Freeman, G. S., Whitmer, J. K., y de Pablo, J. J. (2013). An experimentally-informed coarse-grained 3-site-per-nucleotide model of DNA: Structure, thermodynamics, and dynamics of hybridization. *The Journal of Chemical Physics*, 139(14), 144903. <https://doi.org/10.1063/1.4822042>

Lee, G. Y., Lee, S., Lee, H.-R., y Yoo, Y. D. (2016). Hepatitis C virus p7 mediates membrane-to-membrane adhesion. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular and Cell Biology of Lipids*, 1861(9, Part A), 1096-1101. <https://doi.org/10.1016/j.bbalip.2016.06.011>

Llanes, M. S., Palacios, N. S., Piccione, M., Ruiz, M. G., y Layana, C. (2015). Aspectos moleculares de la respuesta antiviral contra el virus de la hepatitis C importantes para el desarrollo de vacunas. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 33(4), 273-280. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2013.12.012>

Nieva, J. L., Madan, V., y Carrasco, L. (2012). Viroporins: Structure and biological functions. *Nature Reviews Microbiology*, 10(8), 563-574. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2820>

Okonechnikov, K., Golosova, O., Fursov, M., y the UGENE team. (2012). Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*, 28(8), 1166-1167. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts091>

Pérez, J. D. A. (2014). MÉTODOS DE SIMULACIÓN MOLECULAR: UNA REVISIÓN DE LAS HERRAMIENTAS MÁS ACTUALES. *Ingeniería*, 24(2), Article 2. <https://doi.org/10.15517/ring.v24i2.8720>

Salvatierra, K. (2017). Epidemiología molecular del virus de la hepatitis C. *Infectio*, 21(2). <https://doi.org/10.22354/in.v21i2.655>

Shiryaev, V. A., Radchenko, E. V., Palyulin, V. A., Zefirov, N. S., Bormotov, N. I., Serova, O. A., Shishkina, L. N., Baimuratov, M. R., Bormasheva, K. M., Gruzd, Y. A., Ivleva, E. A., Leonova, M. V., Lukashenko, A. V., Osipov, D. V., Osyanin, V. A., Reznikov, A. N., Shadrikova, V. A., Sibiryakova, A. E., Tkachenko, I. M., y Klimochkin, Y. N. (2018). Molecular design, synthesis and biological evaluation of cage compound-based inhibitors of hepatitis C virus p7 ion channels. *European Journal of Medicinal Chemistry*, 158, 214-235. <https://doi.org/10.1016/j.ejmech.2018.08.009>

Vieyres, G., Brohm, C., Friesland, M., Gentzsch, J., Wölk, B., Roingeard, P., Steinmann, E., y Pietschmann, T. (2013). Subcellular Localization and Function of an Epitope-Tagged p7 Viroprotein in Hepatitis C Virus-Producing Cells. *Journal of Virology*, 87(3), 1664-1678. <https://doi.org/10.1128/JVI.02782-12>

Vivas, R., Tirado, Y., y Valdiris, V. (2016). Estudio y análisis comparativo de interacciones entre la proteína integrina con fragmentos de la proteína fibrilina-1 y fragmentos mutados de esta utilizando la metodología de docking molecular. *Revista Salud Uninorte*, 32(3), 369-383.

Wei, S., Hu, X., Du, L., Zhao, L., Xue, H., Liu, C., Chou, J. J., Zhong, J., Tong, Y., Wang, S., y OuYang, B. (2021). Inhibitor Development against p7 Channel in Hepatitis C Virus. *Molecules*, 26(5), 1350. <https://doi.org/10.3390/molecules26051350>

CONFLICTO DE INTERESES

“El autor declaran no tener ningún conflicto de intereses”.