**Funcionalización de las cápsides de TrV**

La química biomimética ha evolucionado hasta una etapa en la que ideas de la biología molecular, la química de proteínas, la química inorgánica y la ciencia de materiales pueden combinarse de forma rutinaria en la búsqueda de nuevos materiales. El uso de ensamblajes de proteínas para la síntesis de nanomateriales ofrece una serie de ventajas únicas. Las proteínas son de origen biológico y, como tales, son susceptibles de producción a gran escala; y se pueden modificar de forma rutinaria utilizando enfoques químicos o genéticos para impartir una funcionalidad química o estructural específica.

Las partículas similares a virus (*virus like particles,* VLPs) se han utilizado para numerosas aplicaciones farmacéuticas, en particular vacunación y administración de fármacos. Nuestro objetivo es encontrar, dentro de la secuencia de la cápside de TrV (Triatoma virus) los sitios de máxima tolerancia a la inserción de dominios proteicos. TrV es un virus ARN de hebra simple y sentido positivo, con una longitud de 9.010 bases y una masa molecular teórica de 2.886,4 KDa. El genoma posee dos marcos abiertos de lectura denominados ORF1 y ORF2 que codifican las proteínas no estructurales y de la cápside respectivamente. Para este estudio de utilizarán como reporteras de plegamiento correcto alguna de las proteínas fluorescentes conocidas: *superfolder GFP* y *Cherry-FP*. Los puntos de inserción serán los puntos conocidos de corte de la proteasa 3C de TrV y los 6 *loops* más accesibles de la cápside viral.