

Núcleo de Avaliação: Núcleo I

Área temática: Ciências Biológicas

Área do Conhecimento: Bioquímica

CARACTERIZAÇÃO IN SÍLICO DE DOMÍNIOS TRUNCADOS DA PROTEÍNA DO NUCLEOCAPSÍDEO DO CORONAVÍRUS HUMANO OC43.

Emerson Santana da Silva, Aline Lidiane Batista.

A pandemia de Covid-19, causada pelo SARS-CoV-2, destacou a necessidade de estudos sobre o coronavírus. Porém, devido à sua alta taxa de mortalidade e classificação de nível de biossegurança 3 (BSL-3), a pesquisa tornou-se limitada a laboratórios com rigorosos padrões de isolamento. Neste contexto, o coronavírus humano OC43 (HCoV-OC43), que causa resfriados comuns e apresenta menor risco para a população, surge como uma alternativa viável para estudos em laboratórios BSL-2. O HCoV-OC43 pertence ao gênero beta dos coronavírus e compartilha 50,49% de identidade com o SARS-CoV-2, o que levanta a possibilidade de reações imunológicas cruzadas entre esses vírus. Estudos indicam que indivíduos com exposição prévia ao coronavírus sazonal, como o HCoV-OC43, podem apresentar uma resposta imunológica capaz de reduzir a infecção pelo SARS-CoV-2. A proteína N, responsável pela formação do nucleocapsídeo e reconhecida pelo seu potencial imunogênico, foi o foco desta pesquisa, com a análise de duas sequências específicas: uma contendo e outra sem o Domínio-N-terminal (NTD). A metodologia envolveu a modelagem tridimensional dessas proteínas utilizando ferramentas computacionais como Rosetta e SWISS-MODEL, seguida pela predição de epítopos por meio do Immune Epitope Database (IEDB). Os resultados revelaram que a sequência com o NTD apresentou instabilidade estrutural devido a uma cauda desdobrada, criando uma falta de interação com o restante do material genético do HCoV-OC43. Foram identificados epítopos previsíveis em ambas as sequências, com uma predominância de epítopos descontínuos, que são formados por segmentos separados na sequência de aminoácidos, mas que se aproximam da estrutura tridimensional da proteína. Esses epítopos descontínuos são de grande relevância para a resposta imunológica, pois se estima que mais de 90% dos epítopos de células B sejam dessa natureza. A predominância de epítopos descontínuos sugere que esses são fundamentais para a produção de vacinas, uma vez que sua complexidade de ligação aumenta a eficácia na resposta imune. A análise realizada indica que o HCoV-OC43 pode servir como modelo para investigar potenciais reações cruzadas e identificar epítopos compartilhados com o SARS-CoV-2. Esse conhecimento é essencial para o desenvolvimento de estratégias de imunização cruzada, fornecendo correlações valiosas para novas abordagens na criação de vacinas contra o coronavírus. Estudos futuros devem focar em análises comparativas planejadas, a fim de confirmar a existência de epítopos compartilhados e a possibilidade de proteção cruzada entre essas cepas.



Palavras-chave: Coronavirus, HCoV-OC43, Proteína N, Epítomos, Análise in silico

Agência financiadora: PIVIC

Campus: Mossoró
