



**SEFIC 2018**  
**UNILASALLE**

CIÊNCIA E TECNOLOGIA PARA A  
REDUÇÃO DAS DESIGUALDADES

**22 A 27**  
DE OUTUBRO

## **COMPREENSÃO DO MECANISMO ESTRUTURAL DE ALVOS DE CÉLULAS T EM CHLAMYDIA TRACHOMATIS QUE CONTRIBUEM PARA PROTEÇÃO E OS QUE FAVORECEM A PATOGÊNESE CAUSADA POR ESTE PATÓGENO INTRACELULAR**

Alexandra de Azevedo da Rocha  
Gustavo Fioravanti Vieira  
Universidade La Salle

**Área Temática:** Ciências Biológicas

**Resumo:** Epitopos virais imunogênicos distintos compartilham características que são responsáveis pela estimulação adequada dos linfócitos T, quando apresentados por um dado alelo de MHC. Conhecendo estas características (padrões) seremos capazes de induzir respostas imunes específicas através da manipulação do processo de apresentação de epitopos. Esta ideia baseia-se em fenômenos como a reatividade cruzada e o desencadeamento de doenças autoimunes provocadas por infecções de agentes patogênicos. O grupo ao qual pertencemos criou um banco de dados ([www.crosstope.com.br](http://www.crosstope.com.br)) e um método que permite a construção em grande escala de modelos tridimensionais de MHC:epitopo que forneceram informações importantes nesse sentido e que orientarão os nossos próximos passos do projeto: (i) a superfície de interação entre o complexo MHC:epitopo e o Receptor de célula T tem um padrão comum de distribuição de carga entre os complexos com reconhecida reatividade cruzada; (ii) MHC carregando epitopos apresentando alta e baixa afinidade pela fenda do MHC mostram comportamentos estruturais distintos, os quais são eficientemente acessados por abordagens de dinâmica molecular (iii) os alelos de MHC que pertencem ao mesmo supertipo alélico têm semelhança estrutural elevada, o que gera grandes expectativas sobre a modelagem de alelos de MHC que não têm estruturas tridimensionais resolvidas (cristais). Esperamos que este conhecimento resultante obtido a partir dos padrões compartilhados entre epitopos imunogênicos esclareçam os requerimentos para a prospecção dos epitopos em doenças para as quais as questões de imunização e tratamento ainda não estão bem resolvidas. No caso das infecções causadas por Clamídea, dependendo do alvo contra o qual é gerada a resposta, diferentes mecanismos são desencadeados. Estes definem desfechos que podem ser favoráveis ao clearance da infecção ou que acabam contribuindo para o agravamento da patogênese. Nesse sentido, o genoma dessa bactéria será analisado in silico em busca de alvos de linfócitos T citotóxicos, os quais serão modelados no contexto do alelo de HLA-A\*0201. Este alelo, além de ser prevalente na população humana, apresenta epitopos previamente descritos na literatura para este patógeno. Também é um dos dois alelos para os quais nossos métodos de modelagem molecular possuem parametrização disponível. A partir destes modelos pretendemos desenhar um panorama geral dos alvos imunogênicos destes patógenos e, possivelmente, explicar os diferentes destinos que são engatilhados a partir da infecção deste microrganismo na resposta imune celular.

**Palavras-Chave:** Bioinformática, Resposta Imune Celular, Chlamydia trachomatis.