SEFIC 2019
UNIVERSIDADE LA SALLE

Imunogenicidade citotóxica estrutural em Chlamydia trachomatis

Alexandra de Azevedo da Rocha
Universidade La Salle

Gustavo Fioravanti Vieira (Orientador)

Tipo do trabalho
Comunicação oral e Pôster
Tema
Ciências Biológicas
Palavras-chave
Bioinformática, Resposta Imune Celular, Chlamydia trachomatis.

OBJETIVO

O objetivo da pesquisa é analisar as sequências das proteínas expressas na fase intracelular de Chlamydia trachomatis em busca de alvos de linfócitos T citotóxicos.

MATERIAL

A bactéria intracelular escolhida foi a Chlamydia trachomatis. Foram recuperadas sequências de proteínas deste patógeno no banco de dados de proteínas UniProt (https://www.uniprot.org/). As proteínas foram escolhidas considerando aquelas que já apresentavam epitopos de células T testados experimentalmente, descritos no Immune Epitope Database (https://www.iedb.org/).

METODOLOGIA

Para obter os alvos já descritos para C. trachomatis, foi iniciado uma busca em banco de dados de epitopos, Imune Epitopes Database, para que se pudesse ver as sequências de proteínas já descritas com potencial imunogênico dessa bactéria. Como filtros da busca foram utilizados os alelos prevalentes de MHC humano HLA-A*02:01 e HLA-B*27:05, tamanho de nove aminoácidos, hospedeiro humano e ter resultado positivo em mais de um teste. A partir dos epitopos recuperados buscamos as proteínas das linhagens correspondentes através do Protein Blast (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE=Proteins). Para prospectar alvos ainda não descritos utilizamos a ferramenta de predição da via de processamento de antígenos do IEDB (http://tools.iedb.org/processing/). Os epitopos melhores ranqueados serão modelados no contexto dos alelos correspondentes na ferramenta DockTope e comparados com o painel de alvos imunogênicos contidos no Banco de estruturas de pMHC CrossTope (www.crosstope.com), para que se possa, a partir da similaridade estrutural e físico química dessas sequências, recuperar os mais semelhantes e construir um painel de imunogenicidade deste patógeno intracelular.

RESULTADOS

Foram recuperados 12 epitopos descritos da bactéria oriundos de 8 proteínas de C. trachomatis. Para cada uma dessas sequências de proteínas foram elencados os 20 epitopos apresentando os melhores escores de processamento. O número final de alvos a serem modelados é de 160 epitopos de células T CD8+.

CONCLUSÃO

Os dados recolhidos até então demonstram que o sistema imune gera resposta contra alvos contidos em proteínas cruciais para o desenvolvimento intracelular do patógeno e proteínas que participam dos mecanismos de evasão do sistema imune.