

Imunogenicidade citotóxica estrutural em *Chlamydia trachomatis*

Alexandra de Azevedo da Rocha

Universidade La Salle

Gustavo Fioravanti Vieira (Orientador)

A resposta do sistema imune é baseada no reconhecimento diferencial de peptídeos próprios e não próprios, os quais são denominados epitopos de células T. Essas características incluem propriedades físico químicas que permitem a formação adequada da sinapse imunológica. Foram recuperadas sequências de proteínas de *Chlamydia trachomatis* 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 in vitro, descritos no Immune Epitope Database, IEDB, (<https://www.iedb.org/>). Para obter os alvos já descritos, foi iniciado uma busca no IEDB para recuperar as sequências imunogênicas de peptídeos já descritas experimentalmente. Como filtros da busca foram utilizados os alelos prevalentes de MHC humano HLA-A*02:01 e HLA-B*27:05 e resultado positivo em mais de um teste. Foram recuperados 12 epitopos oriundos de 8 proteínas de *C. trachomatis*. Além dos epitopos descritos, foram preditos mais 20 peptídeos candidatos para cada uma dessas sequências, conforme seu escore de processamento. Tanto os peptídeos experimentais e preditos foram modeladas junto com o alelo de MHC para os quais foram descritos (160 complexos pMHC). Para cada estrutura foi calculado o potencial eletrostático em sua superfície molecular, com o programa PyMol. Essas características moleculares e físico químicas são as utilizadas no reconhecimento pelas células T. Os complexos foram então comparados com o Banco de estruturas de pMHC CrossTope (www.crosstope.com), em busca de semelhanças físico-químicas. As comparações foram feitas por métodos de agrupamento hierárquico. Aqueles alvos de *Chlamydia*, semelhantes a outros alvos já descritos experimentalmente, serão considerados como epitopos preditos estruturalmente. Adicionalmente, buscaremos observar se epitopos bacterianos apresentam características compartilhadas com epitopos virais, para utilização em abordagens imunizatórias de amplo espectro.