

SUB-ÁREA: Vacinas

Caracterização *in silico* de proteínas desconhecidas associada a análises de imunoinformática para identificação de novos alvos vacinais contra leptospirose

Andreia Zago Ciuffa^a, Lucas Ian Veloso^b, Renata Santos Rodrigues^c, Anna Monteiro Correia Lima^a, Pollyanna Mafra Soares^a

^aLaboratório de Doenças Infectocontagiosas, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG.

^bLaboratório de Nanobiotecnologia, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG.

^cLaboratório de Bioquímica e Toxinas Animais, Instituto de Biotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG.

A vacinação é a principal forma de prevenção da leptospirose animal. As limitações das vacinas disponíveis comercialmente comprometem o controle da doença, tornando emergencial a identificação de novos alvos vacinais e o desenvolvimento de uma nova vacina. As pesquisas recentes investigam proteínas de *Leptospira* na busca por vacinas de subunidade proteica, de proteínas recombinantes ou vacinas peptídicas. Por isso, o objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização físico-química e avaliar o potencial vacinal das proteínas desconhecidas encontradas no proteoma de *Leptospira interrogans* sorovar Copenhageni cepa M20. Para a avaliação do perfil proteico da cepa estudada, a proteômica foi realizada no espectrômetro de massa LTQ-Orbitrap Velos acoplado à cromatografia líquida EASY-nLC II. Para caracterização físico-química *in silico* das proteínas foi utilizado o servidor ExPASy - ferramenta ProtParam que forneceu dados de solubilidade, ponto isoelétrico, índice de instabilidade e tempo de meia-vida em outros organismos. A imunoinformática foi empregada para predição do potencial vacinal das proteínas, avaliando alergenicidade, scores de antigenicidade (considerando-se valores superiores a 60%), localização subcelular, capacidade de adesão (valores superiores a 0,5) e similaridade a proteínas animais, por meio dos servidores AllerTOP v.2.0, Allergen FP v.1.0, VaxiJen v2.0, Vaxign: Vaccine Design e Scratch Protein Predictor (ferramenta ANTIGENpro). Quanto aos resultados obtidos na proteômica, 12,4% do proteoma total correspondeu a proteínas não caracterizadas. Considerando todos os critérios avaliados na caracterização *in silico* e por imunoinformática, 73% das proteínas, não caracterizadas até então, apresentaram alto potencial vacinal, sendo elas: M6USG6, A0A0M4NJU9, A0A2H1XA80, M3ETH8, A0A0E2D0X7, M6AE33, Q04RW5, M3G459, A0A2M9ZW65, M3I8Y6, A0A4R8MMT7 (chaves de acesso). Isso mostra a importância da caracterização dessas proteínas, revelando características que vão contribuir para que elas continuem sendo investigadas em outras pesquisas, além de nos revelar novos e importantes candidatos vacinais.

Palavras-chave: *Leptospira*; proteoma; antigenicidade; vacina

Agências de Fomento: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG.