

TÍTULO: SELEÇÃO DE PEPTÍDEOS SINTÉTICOS POR MEIO DE VACINOLOGIA REVERSA DE SERPINAS EXPRESSAS NA GLÂNDULA SALIVAR DO VETOR DA FEBRE MACULOSA BRASILEIRA *Amblyomma cajennense*

AUTOR(ES): ANDRÉ DE ABREU RANGEL AGUIRRE, MARCOS VALÉRIO GARCIA, VINÍCIUS DA SILVA RODRIGUES, LEANDRA MARLA OSHIRO, LEANDRO HIGA, RENATO ANDREOTTI,

PALAVRAS-CHAVES: Febre Maculosa Brasileira; *Amblyomma cajennense*; controle; hospedeiro amplificador; vacinologia reversa

RESUMO:

INTRODUÇÃO A Febre Maculosa Brasileira (FMB), doença causada pela bactéria *Rickettsia rickettsii*, é grave para seres humanos, possuindo baixa morbidade, mas alta letalidade, o que lhe confere importância em saúde pública. Na região do cerrado, esse grupo de bactérias é transmitido para seres humanos principalmente pelo carrapato *Amblyomma cajennense*. A principal medida de controle da FMB é pelo controle de seu vetor, juntamente com o controle de hospedeiros amplificadores. Vacinas contra carrapatos vem ganhando destaque nas últimas décadas para contornar problemas com resistência ao método químico. Ferramentas de bioinformática contribuem com a forma como são preditos novos antígenos para vacinas, e aqui utilizamos desta estratégia para iniciar pesquisas para o controle imunológico do *A. cajennense* em hospedeiros amplificadores e reservatórios naturais, afim de gerar soluções preventivas no controle da Febre Maculosa Brasileira. Neste trabalho visamos trabalhar com serpinas da classe de inibidores de serinoproteases, que são importantes fatores para que a cascata da coagulação do hospedeiro ocorra, sendo assim vital para o repasto do carrapato, uma vez que ele precisa de sangue fluido para conseguir ingurgitar-se. MATERIAL E MÉTODOS Foram executados diversos algoritmos afim de se prever características imunogênicas de serpinas secretadas na saliva do *A. cajennense*. A base de dados foi acessada na recente elucidação do sialotranscriptoma do *A. cajennense* por Garcia et al. (2014). Os algoritmos utilizados aqui foram: BepiPred para a predição de epítomos lineares de linfócitos B; MHC Class-II Binding Peptide Prediction para a predição de epítomos ligantes do MHC classe II humano, alelo HLA DBR0301; Prediction of Intrinsically Unstructured Proteins para regiões intrinsecamente desordenadas; TMHMM para regiões contendo possíveis hélices transmembranas; Emini Surface Accessibility Prediction para regiões externas à estrutura terciária da proteína; Kolaskar & Tongaonkar Antigenicity para regiões com diversas características antigênicas integradas; PredGPI para a presença de terminal Glicofosfatidilinositol. RESULTADOS Foram encontrados quatorze peptídeos contendo ao menos cinco das características avaliadas: três das serpinas AC-28990/333930/112121/112123 (entre aminoácidos 14-51, 80-120 e 153-173), um de AC-75935 (35-62) e um de AC-28019 (120-140). CONCLUSÃO Espera-se que estes peptídeos desencadeiem resposta imune consistente, como já obtidos em ensaios prévios com peptídeos com as mesmas características, e que esses anticorpos sejam capazes de neutralizar as serpinas, provocando coagulação sanguínea no sítio de fixação do carrapato, dificultando assim seu processo de repasto. Pesquisas futuras devem integrar distintos peptídeos de distintas proteínas com funções diferentes, afim de bloquear o máximo de vias possíveis pelas quais o carrapato utiliza para completar seu repasto usufruindo-se das estratégias de predição adotadas aqui.