



ANÁLISE DO POTENCIAL ANTIGÊNICO E VACINAL DA INVASION PROTEIN INVI DE SAMONELLA ATRÁVES DE TÉCNICAS DE BIOINFORMÁTICA

LEONARDO FERREIRA OLIVEIRA; TAMARA ALVES DE SOUZA; GUILHERME GONÇALVES FERNANDES; MERIANE GONÇALVES RESENDE; CINTIA WILLIANY ALVES SANTOS ROCHA

INTRODUÇÃO: O gênero *Salmonella* incluem numerosos sorovares patogênicos para humanos e uma grande variedade de animais. As salmoneloses, são doenças transmitidas por alimentos mais frequente em humanos, geralmente resulta de água e alimentos contaminados. Essas infecções são responsáveis por significativa morbidade e mortalidade em todo o mundo, fazendo-se necessária o desenvolvimento de vacinas eficazes com esses microrganismos. As Ilhas de Patogenicidade de *Salmonella* (SPIs - “*Salmonella Pathogenicity Islands*”), SPI-1 e SPI-2, desempenham um papel crucial na interação entre as espécies de *Salmonella* e células hospedeiras. A SPI-1 é onipresente e altamente conservada nesse gênero, demonstrando o seu papel ativo no processo de invasão nas células. A SPI-1 apresenta cinco proteínas, a saber; SpaO, OrgA, OrgB, InvI e a ATPase hexamérica InvC, que juntamente a outras proteínas garante a internalização das bactérias. **OBJETIVOS:** Verificar o potencial antigênico da proteína InvI e o potencial desses antígenos para um modelo de vacina anti-*Salmonella*. **METODOLOGIA:** Consiste em utilização de ferramentas de bioinformáticas para análise de proteínas e potencial antigênico e vacinal. Utilizou-se uma sequência proteica no site UniProt (B8Y8H6), a ancoragem em MCH-I e identificação regiões imunodominantes foram realizadas utilizando recursos do IEDB Analysis Resource; e a previsão de antígenos protetores e vacinas de subunidades via VaxiJen v2.0. **RESULTADOS:** A proteína apresentou quatro sequências de aminoácidos em potencial; duas sequências de altos escores para ancoragem em MHC-I (“EEFQEKSKY”; “EEFQEKSKYW”) e duas sequências como regiões imunodominantes (“EEIYALLRKQSIVRR”; “AIVEQIAGLKLLD”). Contudo nenhuma das sequências apresentou escores significativos para antígenos protetores com potencial vacinal. **CONCLUSÃO:** A proteína InvI não apresentou potencial antigênico/vacinal através das ferramentas utilizadas. Outros recursos e algoritmos podem ser utilizados visando melhor elucidação da proteína. Vale frisar que a junção dos fragmentos proteicos a moléculas imunogênicas ainda podem viabilizar a utilização das sequências analisadas como possíveis vacinas.

Palavras-chave: Bioinformática, Invi, Antigênico, Vacinal, Samonella.