



## ANÁLISE IN SILICO E DETERMINAÇÃO DE EPÍTOPOS DE SARS-COV 2

CARLOS ALBERTO SIQUEIRO; CARLOS ALBERTO SIQUEIRA JUNIOR; RAFAEL TRINDADE BURTET

**Introdução:** O presente artigo discute o uso da bioinformática na identificação e análise de epítomos do SARS-COV 2, vírus responsável pela pandemia de COVID-19. A bioinformática é uma ferramenta multiprofissional e promissora que permite a compreensão e análise da informação biológica por meio da matemática, biologia molecular e ciência da informação. Ao analisar as proteínas de interesses, possibilita o estudo de predição de epítomos, estruturas proteicas e interação entre diversas proteínas, com esses dados, o estudo *in silico* proporciona a otimização de tempo e custo de pesquisas em diversos testes em laboratório. **Objetivo:** Analisar a predição e confirmação dos epítomos lineares presentes no vírus SARS-COV 2, por meio do uso de servidores e programas disponíveis para a obtenção desses resultados *in silico*. **Matérias e Métodos:** Utilizando o banco de dados *The Immune Epitope Database* (IEDB), foi realizada a confirmação manual de cada epítomo provindo da proteína S do SARS-COV 2, sendo a predição das sequências realizada pelo programa Bepipred 2.0 e posteriormente submetido ao ALLERTOP 2.0v para análise de proteína com caráter alérgeno. **Resultados:** Com esse método *in silico*, é possível predizer quais epítomos se encontram na proteína de interesse. Foram obtidos 13 epítomos lineares preditos da proteína S do SARS-COV 2 (P0DTC2) sendo 8 alérgenos de acordo com o ALLERTOP 2.0v. **Conclusão:** Com base na literatura, os epítomos identificados mostraram uma gama de respostas imunológicas em humanos e em modelos animais, isso se deve a diferença da capacidade imunológica dos indivíduos infectados. Foi observado que os resultados *in silico* são ótimos direcionadores para os estudos dos epítomos de SARS-COV 2, mas essas análises não conseguem identificar a diversidade de interações do sistema biológico e imunológico dos infectados, por isso esses resultados não excluem a necessidade de estudos *in vivo*.

**Palavras-chave:** Sars-cov 2, Bioinformática, Imunologia, Epítomos, Proteínas.