

ESTUDO DO POTENCIAL TERAPÊUTICO DA PROTEÍNA 5 α -H NO BLOQUEIO DAS REGIÕES RBD E HR2 DO SARS-COV-2

João Victor Schimalski, Anderson Varela de Andrade, Gustavo Felippe da Silva

INTRODUÇÃO

A pandemia de COVID-19, causada pelo coronavírus SARS-CoV-2, foi um dos maiores desafios de saúde do século XXI. Desde o início, cientistas do mundo todo buscam maneiras de bloquear a entrada do vírus nas células humanas. O vírus usa uma proteína chamada Spike (ou proteína “S”) para se prender às células e depois entrar nelas. Essa proteína tem duas partes principais: A primeira (S1) tem uma região que funciona como uma “chave” que se conecta a uma molécula das nossas células chamadas ECA2. A segunda (S2) ajuda o vírus a se fundir com a célula, permitindo a infecção. Este estudo buscou criar uma proteína artificial chamada 5 α -H, projetada para agir como um bloqueio duplo contra o vírus: Uma parte dela impede o vírus de se prender à célula. Outra parte atrapalha o processo de fusão, evitando que o vírus entre.

DESENVOLVIMENTO

A proteína 5 α -H foi produzida em laboratório usando bactérias especialmente modificadas. Para testar se ela realmente se ligava à proteína Spike do vírus, os cientistas fizeram experimentos do tipo “teste de ligação”, onde observaram se a 5 α -H grudava nas regiões mais importantes da Spike: A região RBD (a “chave” que se conecta à célula).

A região HR2 (importante para a fusão com a célula). Foram usados reagentes que mudam de cor quando há ligação, o que permite medir a intensidade dessa interação.

RESULTADOS

Os testes mostraram que a proteína 5 α -H se ligou fortemente às duas regiões da Spike (RBD e HR2). Enquanto os controles quase não tiveram sinal (valores baixos), a 5 α -H mostrou valores muito mais altos, confirmando que realmente interage com essas partes do vírus.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Esses resultados sugerem que a proteína 5 α -H pode agir como uma espécie de “dupla barreira”: Impede o vírus de se prender na célula. E atrapalha a fusão necessária para a infecção. Assim, essa proteína sintética se mostra promissora como estratégia para bloquear o coronavírus.

Palavras-chave: SARS-CoV-2; Proteína 5 α -h; ELISA.

ILUSTRAÇÕES

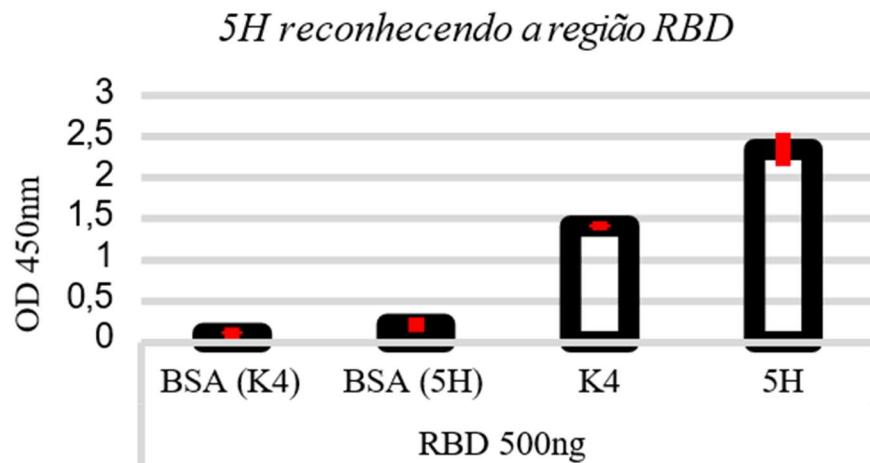


Figura 1. Gráfico de ELISA demonstrando a afinidade das alfa-hélices externas da proteína 5 α -H pela região RBD da subunidade S1.

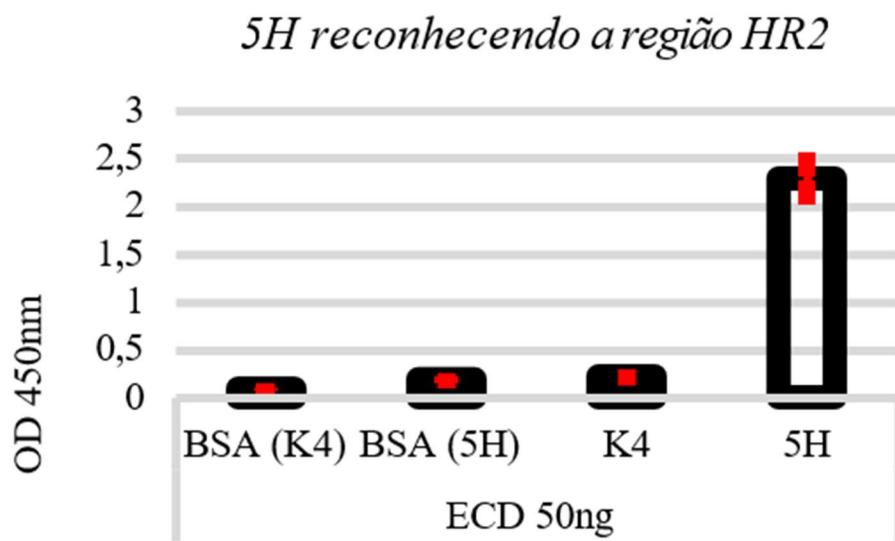


Figura 2. Gráfico de ELISA demonstrando a afinidade do trímero interno da proteína 5 α -H pela região HR2 da subunidade S2.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- HOFFMANN, M.; KLEINE-WEBER, H.; PÖHLMANN, S. A multibasic cleavage site in the spike protein of SARS-CoV-2 is essential for infection of human lung cells. **Molecular Cell**, v. 78, n. 4, p. 779-784, maio 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2020.04.022>.
- PROMPETCHARA, E.; KETLOY, C.; PALAGA, T. Immune responses in COVID-19 and potential vaccines: Lessons learned from SARS and MERS epidemic. **Asian Pacific Journal of Allergy and Immunology**, v. 38, n. 1, p. 1-9, mar. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.12932/AP-200220-0772>.
- KABSCH, W.; SANDER, C. Dictionary of protein secondary structure: Pattern recognition of hydrogen-bonded and geometrical features. **Biopolymers**, v. 22, n. 12, p. 2577-2637, dez. 1983. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/bip.360221211>.
- WALLS, A. C. *et al.* Structure, function, and antigenicity of the SARS-CoV-2 spike glycoprotein. **Cell**, v. 181, n. 2, p. 281-292.e6, abr. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.02.058>.

DADOS CADASTRAIS

BOLSISTA: João Victor Schimalski

MODALIDADE DE BOLSA: PIBITI/CNPq

VIGÊNCIA: 09/2024 a 08/2025 – 12 Meses

ORIENTADOR(A): Gustavo Felippe da Silva

CENTRO DE ENSINO: CAV

DEPARTAMENTO: Engenharia Florestal

ÁREAS DE CONHECIMENTO: Ciências Biológicas / Bioquímica / Biologia Molecular

TÍTULO DO PROJETO DE PESQUISA: Design de proteína sintética com duplo mecanismo para prevenção da infecção pelo SARS CoV2

Nº PROTOCOLO DO PROJETO DE PESQUISA: NPP4206-2023