

Desenvolvimento de um sorodiagnóstico para a sífilis a partir de epítomos de proteínas da *Treponema pallidum*

Letícia Alves Borghezan¹, Rafaela de Sousa Anastácio¹, Erica Gonçalves Burin¹, Rahisa Scussel¹, Ricardo Andrez Machado-de-Ávila¹.

¹Laboratório de Fisiopatologia Experimental, Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde, Universidade do Extremo Sul Catarinense. Universitário, 88806-000, Criciúma, Santa Catarina, Brasil.

Introdução: A sífilis é uma infecção bacteriana e atualmente um problema de saúde pública no Brasil. Seu diagnóstico apesar de bem padronizado apresenta resultados muito inespecíficos, levando a necessidade de pesquisar novos diagnósticos. **Objetivos:** Identificar proteínas imunogênicas da bactéria causadora da sífilis que poderão ser alvo para nova plataforma sorodiagnóstica com maior acurácia. **Delineamento e métodos observacionais/ experimental:** Foram utilizadas ferramentas de bioinformática para identificar as proteínas-alvo, após análise da literatura científica. As sequências lineares de aminoácidos foram selecionadas no Genbank. Posteriormente foram visualizados acessibilidade de uma sequência de peptídeos pelo IEDB e subsequentemente epítomos de células B foram identificados por esse mesmo algoritmo. O Blast-P foi utilizado para alinhar as proteínas. Para confirmação dos epítomos preditos foi utilizado o SPDBV que exhibe a conformação tridimensional da proteína. **Resultados:** Foram identificadas seis proteínas envolvidas no processo de infecção da sífilis (Tp0319, Tp0453, Tp0435, Tp0171, Tp0684, Tp0574), para cada uma delas foram desenhados peptídeos que mimetizam epítomos conformacionais. **Conclusão:** Por serem proteínas altamente expressas no processo de infecção da doença se tornam alvo de teste sorológico para a identificação da doença. Peptídeos de epítomos conformacionais são mais vantajosos que proteínas recombinantes pois por serem mais específicos eliminam reações cruzadas com outros *Treponemas*, além de aumentar significativamente sua especificidade. Além disso, a Bioinformática oferece análises in silico, viabilizando economicamente o projeto e direcionando os testes de forma mais assertiva.

Palavras-chave: In silico, biotecnologia, peptídeo