Atividade Unidade 1 - Análise de dados gênomicos

Banco NCBI (National Center for Biotechnology Information)

Código de Acesso: NC_045512

Tamanho do Genoma: 29903 bp (pares de base)

Tipo de Molécula: ssRNA

Metodologia de Sequenciamento: Illumina

Banco PDB (Protein Data Bank)

Código de Acesso: 6XRA

Principais Classes da Molécula: Spike Glycoprotein e 2 Carbohydrate

Sendo composta principalmente por duas classes de moléculas: proteínas e carboidratos. As proteínas formam a estrutura primária da proteína spike, enquanto os carboidratos estão ligados às proteínas, formando glicoproteínas.

Distribuição das Moléculas: Utilizando a função de densidade na estrutura 3D no PDB é possível visualizar a distribuição dessas duas classes ao longo da molécula spike apresenta variações notáveis. Enquanto as proteínas dominam a estrutura tridimensional da proteína spike, incluindo áreas funcionais como o domínio de ligação ao receptor (RBD) e o domínio de fusão (FD), cruciais para interações com a célula hospedeira, os carboidratos estão predominantemente localizados nas regiões externas da proteína spike. Sua principal função é estabilizar a estrutura e desempenhar um papel crucial na interação com o ambiente circundante, além de serem reconhecidos pelo sistema imunológico do hospedeiro

Interação: A proteína trimérica do pico viral catalisa a fusão entre as membranas virais das células alvo para iniciar a infecção. A transição espontânea para o estado pós-fusão é independente das células-alvo. O trímero de pré-fusão possui três domínios de ligação ao receptor fixados por um segmento adjacente ao peptídeo de fusão. A estrutura pós-fusão é estrategicamente decorada por glicanos ligados a N, sugerindo possíveis papéis protetores contra respostas imunes do hospedeiro e condições externas adversas. Estas descobertas avançam a nossa compreensão da entrada do SARS-CoV-2 e podem orientar o desenvolvimento de vacinas e terapêuticas.

O artigo postado ainda diz que uma vacina segura e eficaz é a principal opção médica para reduzir ou eliminar a ameaça representada pelo SARS-CoV-2. O artigo aponta que o estudo levanta várias preocupações potenciais sobre as atuais estratégias de vacinas. Primeiro, as vacinas que utilizam a sequência completa do tipo selvagem da proteína S podem produzir as várias formas in vivo observadas.