

Prof. MSc. COORDENAÇÃO DE INVESTIGAÇÃO CIENTÍFICA

PROJETO DE INVESTIGAÇÃO CIENTÍFICA

Dinâmica molecular da proteína NS5 do vírus Zika

COORDENADOR

Prof. Dr. Adônis de Melo Lima

COLABORADORES

Prof. Dr. Ronaldo Silva Correia

Prof. Dr. Nelson Alberto Nascimento Alencar

OBJETIVO

Estudar a estrutura molecular da proteína NS5 do vírus Zika.

RESUMO

Reconhecida quase simultaneamente, em fevereiro de 2015 na Bahia e em São Paulo, e, posteriormente, no Rio Grande do Norte, Alagoas, Maranhão, Pará e Rio de Janeiro, a circulação da doença causada pelo vírus Zika foi rapidamente confirmada pelo uso de métodos moleculares mostrando uma capacidade de dispersão impressionante, somente vista no Chikungunya nos últimos dois anos nas Américas. Em relação as suas características moleculares, o vírus Zika possui uma proteína não estrutural 5 (NS5) que é a mais conservada proteína dos Flavivirus e acredita-se que possua função de RNA-polimerase RNA-dependente. NS5 faz parte das proteínas não estruturantes codificadas pelo genoma dos flavivírus e tem papel vital na replicação viral, atuando como uma RNA polimerase dependente de RNA (RpRd) em sua porção C-terminal e como uma metiltransferase em sua porção N-terminal, que é responsável pela formação do CAP 5' no RNA viral. Além disso, há estudos que mostram que a NS5 também atua na evasão à resposta imune do organismo hospedeiro antagonizando a sinalização do interferon-1 e assim impedindo a transcrição de proteínas que garantam uma resposta da célula à presença do vírus. Esse mecanismo é comum aos flavivírus e é possível que o vírus Zika – ZIKV, se comporte da mesma forma, logo se mostra importante a elucidação da estrutura (3D) da proteína NS5.

PALAVRAS-CHAVE: Vírus Zika; Flavivirus; Proteína não estrutural 5(NS5).

REFERÊNCIAS

BRYANT, JE, Holmes EC, Barrett ADT. Out of Africa: a molecular perspective on the introduction of yellow fever virus into the Americas. PLoS Pathog. 2007 May;3(5):e75. Doi: 10.1371/journal.ppat.0030075.

THOMAS A. HALGREN, Merck molecular force field. I. Basis, form, scope, parameterization, and performance of MMFF94, *J. Comp. Chem.*; 1996; 490-519.

D.A. CASE, T.E. CHEATHAM, III, T. DARDEN, H. GOHLKE, R. LUO, K.M. MERZ, JR., A. ONUFRIEV, C. SIMMERLING, B. WANG AND R. WOODS. The Amber biomolecular simulation programs. *J. Computat. Chem.* 26, 1668-1688 (2005).