

ANÁLISE ESTRUTURAL DAS PROTEÍNAS CODIFICADAS PELA FAMÍLIA GÊNICA PPE/PE: UMA REVISÃO INTEGRATIVA SOBRE SUA CONTRIBUIÇÃO NA VIRULÊNCIA EM *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS*

Edriele da Silva Pinto*

Rita Terezinha de Oliveira Carneiro**

Apesar de curável, a Tuberculose (TB) configura-se como um grave e urgente problema de saúde pública e que, segundo dados divulgados pela Organização Mundial de Saúde (OMS), representa na atualidade a segunda principal causa de óbito por doenças infectocontagiosas em todo o mundo. Pesquisas revelam que ao longo de séculos seu agente etiológico, o *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), desenvolveu diversas estratégias de adaptação aos grupos populacionais humanos, que respondem pela persistência da doença nos dias atuais. Dentre essas estratégias adaptativas, cita-se a codificação de um conjunto de proteínas transmembranas pela família gênica PPE/PE bastante significativa no processo de invasão do Mtb no macrófago e para a obtenção de moléculas energéticas durante o ciclo infeccioso, sendo, portanto, considerada como um importante fator de virulência. A utilização da bioinformática surge nesse contexto como uma ferramenta imprescindível na elucidação de rotas metabólicas, além de contribuir na prospecção de novas drogas capazes de neutralizar as estruturas de virulência em patógenos, tal como o Mtb. Objetivos: Analisar dados disponíveis na literatura a fim de identificarmos novos alvos moleculares presentes nas estruturas das proteínas PPE/PE sintetizadas por *M. tuberculosis*, os quais favoreçam a interação com fármacos utilizados no tratamento anti-TB. Metodologia: Trata-se de um estudo investigativo, que consiste na busca e análise de trabalhos completos publicados em bases de dados como: Pubmed, Scielo, LILACS, Google Acadêmico no período de 2013 a 2018, utilizando os seguintes descritores: “família gênica PPE/PE”; “fator de virulência” “fármacos anti-TB”. Resultados esperados: Análise da literatura as informações disponíveis a respeito do uso das proteínas PPE/PE como alvo molecular de fármacos anti-TB, além do conhecimento sobre o mecanismo de ação das novas drogas destinadas à profilaxia da tuberculose.

Palavras-chave: Bioinformática. Epítipo. Fármacos. Membrana celular. Proteômica.

*Graduanda em Bacharelado em Farmácia da Faculdade Maria Milza (FAMAM).
edrielesilva4554@hotmail.com;

**Mestre em Biotecnologia, Docente da Faculdade Maria Milza (FAMAM). ritaterezinha@gmail.com