



RCB 300: TÓPICOS EM BIOTECNOLOGIA III/ GENÉTICA

***Coordenadoras:
Aparecida Maria Fontes
Nilce Maria Martinez Rossi***

Ribeirão Preto – Maio/ 2024



MÓDULO 2: DESENVOLVIMENTO DE VACINAS GÊNICAS VIRAIS

AULAS TEÓRICAS:

No	Nome
T3.	Abordagem genômica na Oncologia
T4.	SARS-CoV-2 e Vacina Genética
T5.	Ferramentas computacionais para identificação de alvos para vacinas

MÓDULO 2: DESENVOLVIMENTO DE VACINAS GÊNICAS VIRAIS

GRUPO 1

1. Proteína spike vírus Sars-CoV-2 original (Wuhan)
2. 5'UTR e 3'UTR do mRNA da β -globina
3. Construção 2 vacinas de mRNA antes e após a otimização do códon

GRUPO 2

1. Proteína spike vírus Sars-CoV-2 atual
2. 5'UTR e 3'UTR do mRNA da α -globina
3. Construção 2 vacinas de mRNA antes e após a otimização do códon

MÓDULO 2: DESENVOLVIMENTO DE VACINAS GÊNICAS VIRAIS

AULAS PRÁTICAS:

No	Nome
P13 e P14.	Construção de uma vacina de mRNA contra SARS-CoV-2 (Partes 1 e 2)

Apresentação dos Resultados das Práticas:

1. Tamanho da proteína spike.

2. Identificação das posições das duas mutações missense.

3. Tamanho dos transcritos maduros da alfa e beta globina e suas regiões 5'UTR e 3'UTR.

4. Tamanho do mRNA da vacina anti-SARS-CoV-2 e suas partes.

5. Energia mínima livre, antes e após a otimização de códons.

6. Estrutura do mRNA, antes e após a otimização de códons.

7. Perfil imunofenotípico de cada uma das vacinas de mRNA.

Sites para pesquisa:

1. Site Gisaïd: gisaid.org.



About us

Database Features

Events

Collaborations

Resources

Help

Login

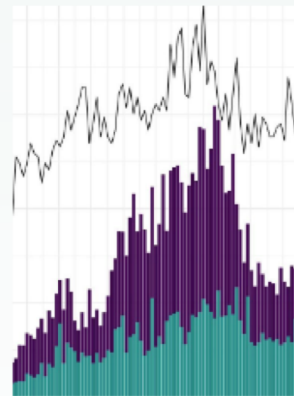


In Focus

16,7 million hCoV-19 sequences shared: Where do surveillance efforts stand?

After mixed efforts in 2020, followed by a massive explosion of Omicron data generated by late 2021 from 215 countries and territories, the number of unique submitting countries, and hence, representativeness of global surveillance, today remains at early 2021 levels, and well above 2020 levels.

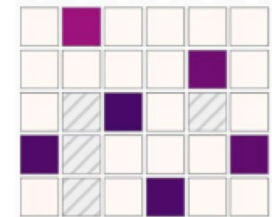
While the US, UK, and Germany contributed an outsized share in 2022, it is worth pointing out that increasing representation of diverse regions over time, and the timeliness of submissions are far more critical to ensure new variants are detected in real-time. The recent timely discovery of BA.2.86 and EG.5.1 are examples of continued effectiveness so far.



中国新冠疫情



Lineage comparison



hCoV-19 data sharing via GISAID

16,688,803

genome sequence submissions

Gisaid: após o login

The screenshot shows the GISAID website interface. At the top left is the GISAID logo. To the right, it says "© 2008 - 2024 | Terms of Use | Privacy Notice | Help". Below this, it indicates "You are logged in as **Aparecida Maria Fontes** - [logout](#)". A navigation bar contains "Registered Users", "EpiFlu™", "EpiCoV™" (which is selected), "EpiRSV™", "EpiPox™", "EpiArbo™", and "My Profile". Below the navigation bar are links for "EpiCoV™", "Search", "Downloads", and "Upload".

Pandemic coronavirus causing COVID-19

A previously unknown human coronavirus (hCoV-19) was first detected in late 2019 in patients in the City of Wuhan, who suffered from respiratory illnesses including atypical pneumonia, an illness that has become known as coronavirus disease (COVID-19). The coronavirus originated from an animal host and is closely related to the virus responsible for the Severe Acute Respiratory Syndrome coronavirus (SARS).

On 10. January 2020, the first virus genomes and associated data were publicly shared via GISAID. The World Health Organization announced on 11. March 2020 the first coronavirus pandemic. As the pandemic progresses, scientists from around the globe are tracking the virus and its genome sequences to ensure optimal virus diagnostic tests, to track and trace the ongoing outbreak and to identify potential intervention options. Several analyses to assist with these efforts are offered here, including sequence alignments, diagnostic primer and probe coordinates, 3D protein models, drug targets, phylogenetic trees and many more.

A circular phylogenetic tree of COVID-19 sequences is shown, centered on a map of Africa. The tree branches out to various geographical locations, with labels for different regions and countries. The branches are color-coded. A "Search" button is located below the tree.

by A*STAR Singapore

Audacity

AudacityInstant

BLAST

CoVizu^e

Emerging Variants

Lineage Frequency

Official GISAID reference sequence

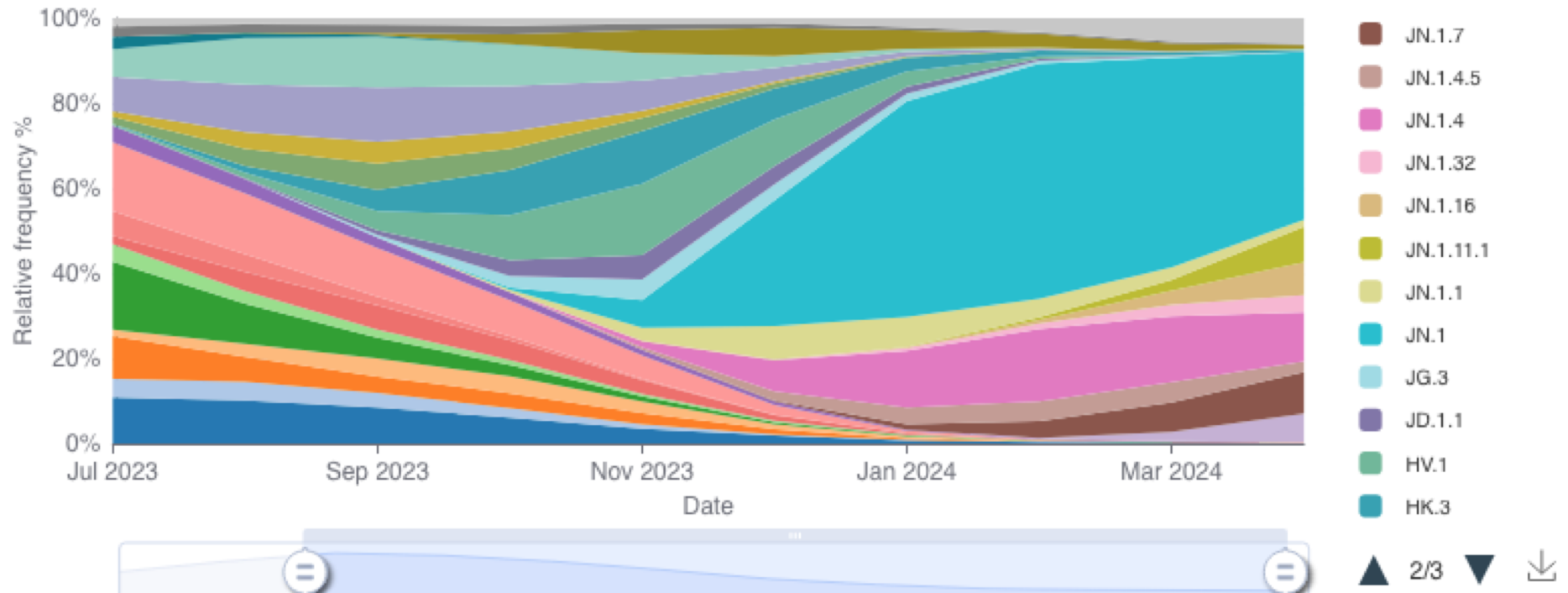
PrimerChecker

Submission tracker

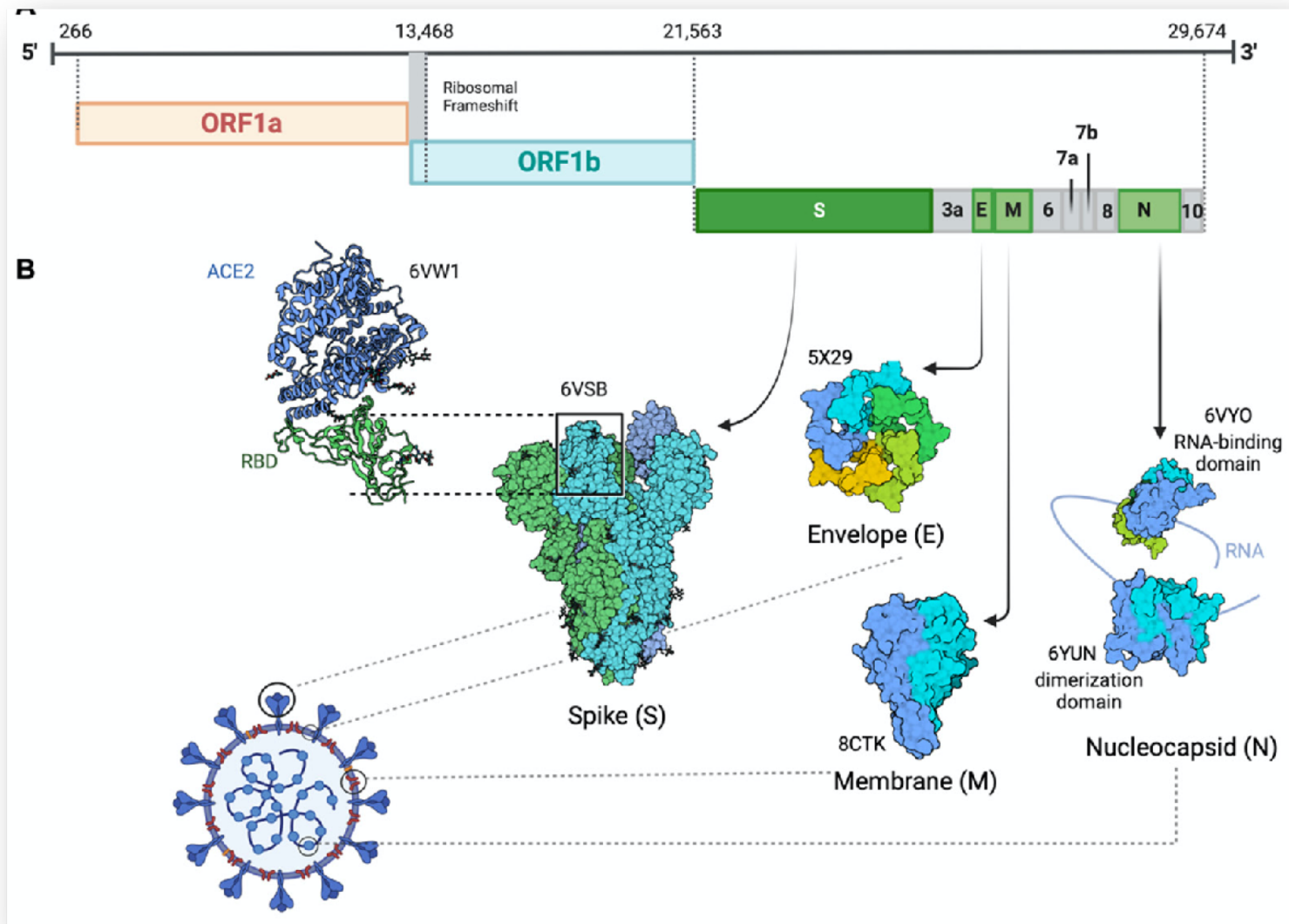
Spike glycoprotein mutation surveillance

Wastewater

Gisaid: lineage frequency

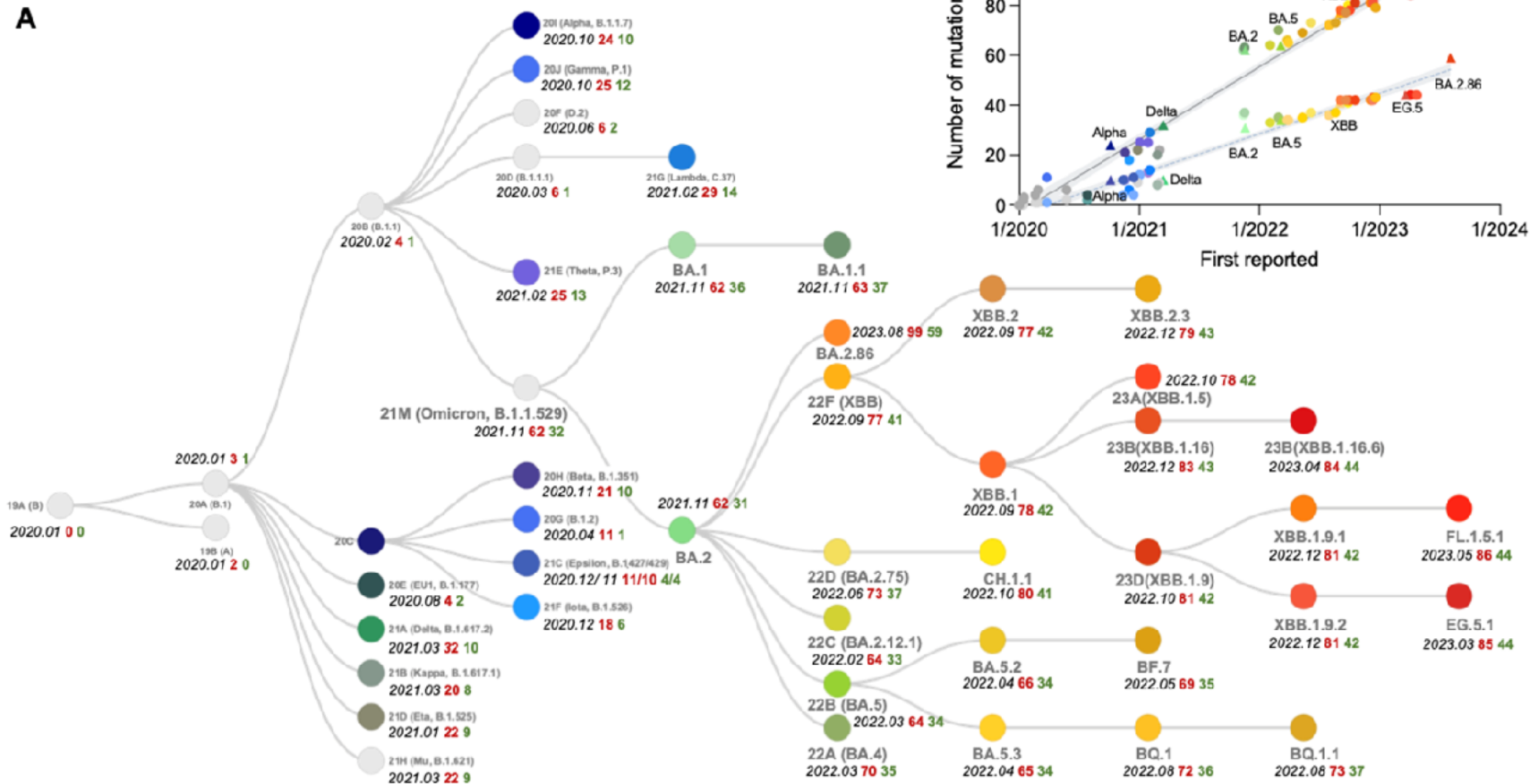


Estrutura do Genoma de SARS-CoV-2



Liu et al 2024 Viruses 16: 1-20

Evolução de SARS-CoV-2



Site GISAID:

Global Initiative on Sharing All Influenza Data.

Plataforma global para o compartilhamento de dados de sequências de vírus.

Inicialmente focada em vírus influenza e posteriormente expandida para incluir outros vírus como SARS-CoV-2.

Sars-CoV-2 original: EPI_ISL_402124

Sars-CoV-2 linhagem atual: EPI_ISL_18492450

Sobre o vírus: responda às seguintes questões

Tamanhos de ambos genomas virais:

Número de aminoácidos da proteína spike de ambas linhagens virais:

Número de mutações: missense e indel na linhagem + prevalente atual.

Sars-CoV-2 original: EPI_ISL_402124 – tamanho do gene que codifica spike e sua posição no genoma viral.

Sars-CoV-2 linhagem atual: EPI_ISL_18492450 – tamanho do gene que codifica spike e sua posição no genoma viral

Site Primer show

Permite traduzir a **proteína relativa ao cDNA** de interesse e tem a vantagem que coloca a **sequência de aminoácidos acima da sequência de cDNA** e **ambos são numerados**: a sequência de nucleotídeos do cDNA e a sequência de aminoácidos.

Site: https://www.bioinformatics.org/sms/primer_show.html.

Onde está escrito fem-2 substituir por spike original ou spike atual.

No campo *paste a sequência no formato FASTA* coloque o cDNA de cada uma das proteínas spike.

No local: show translation for: coloque reading frame 1.

Site Primer show

1. Abrir documento do word e crie novo documento.

2. Copie a primeira sequência para o documento. Certifique-se de selecionar a fonte Courier New e definir o tamanho da fonte para 10.

3. Salve o documento com um nome: Spike original – tradução.

4. Repita os passos de 1 a 3 para o cDNA da proteína spike da linhagem viral atual e salve com o nome: Spike atual - tradução.

5. Em ambos os documentos, nas posições das duas mutações missense, coloque **as sequências dos aminoácidos em vermelho** e os respectivos nucleotídeos highlight em amarelo..

6. **Spike original:** posições **K986P** e **V987P** e
Spike da linhagem atual: posições **K982P** e **V983P**.