

# EVOLUÇÃO E IMUNOGENICIDADE DO *Orthobunyavirus oropoucheense*: ANÁLISE IN SILICO DE EPÍTOPOS HLA-A\*02 RESTRITOS ENTRE EPIDEMIAS BRASILEIRAS

MARTUCHELE-FÉLIX M.E.<sup>1</sup>; LOPES-RIBEIRO A.<sup>1</sup>; DIAS L.C.C.<sup>1</sup>; RIBEIRO-MENDES G.E.<sup>1</sup>;  
COELHO-DOS-REIS J.G.A.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Virologia Básica e Aplicada, Instituto de Ciências Biológicas, UFMG, Belo Horizonte, Minas Gerais.

E-mail: mariaeduardamf55@gmail.com

O vírus *Orthobunyavirus oropoucheense* (OROV) é o agente etiológico da febre Oropouche, doença que causou preocupação nos últimos anos. No Brasil, os relatos da doença passaram de 834 casos confirmados em 2023 para 13.856 casos em 2024 e 11.985 até outubro de 2025, evidenciando a necessidade de compreender possíveis diferenças entre as linhagens virais circulantes antes e durante o atual surto da doença e de desenvolver estratégias profiláticas e terapêuticas para controlar a circulação viral no país. Assim, este trabalho almeja comparar o repertório de peptídeos do vírus restritos ao HLA-A\*02 entre três epidemias recentes da febre Oropouche no Brasil, nos anos 2016, 2020 e 2024. Para tal, sequências das poliproteínas virais foram obtidas do banco de dados NCBI nucleotide e usadas para predição de peptídeos HLA-A\*02 restritos no software NetCTL 1.2, com peptídeos com score combinado superior a 0,50 selecionados para análises posteriores. Ferramentas de bioinformática permitiram a avaliação da indução de citocinas pelos epítomos, sua distribuição entre as três linhagens temporais e sua posição nas poliproteínas virais. Nossos resultados apontam uma estabilidade do vírus entre as linhagens com relação ao score combinado, porém o segmento M viral destacou-se na indução de citocinas como IL-10, e IFN- $\gamma$ . Ademais, observamos uma maior porcentagem de peptídeos exclusivos da linhagem de 2016 neste segmento (34%) em comparação aos segmentos L (3,9%) e S (0%), indicando um possível salto evolutivo do vírus associado a escape viral. Ainda, notamos que grande parte destes peptídeos exclusivos encontram-se na proteína não estrutural do OROV (NsM), diferentemente dos peptídeos compartilhados entre as três linhagens, que encontram-se nas proteínas estruturais (Gn e Gc). Assim, estes resultados elucidam diferenças na imunogenicidade do OROV provenientes do segmento M, apontando-o como um possível alvo para o desenvolvimento de vacinas e terapias voltadas a reduzir os impactos da febre Oropouche no Brasil.

**Apoio financeiro:** CNPq, CAPES, FAPEMIG, Embrapii, Fundep

**Palavras-chave:** febre Oropouche; OROV; epítomos; imunogenicidade; segmento M.