

## UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

#### ELPÍDIO VICENTE DOS SANTOS JÚNIOR

# MODELAGEM MOLECULAR DO RECEPTOR CANABINOIDE TIPO-1 DO PAPAGAIO-VERDADEIRO (*Amazona aestiva*): ANÁLISE DOS MODOS DE ACOPLAMENTO DE FITOCANABINOIDES

# FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE

Santos Júnior, Elpídio Vicente dos

S237m

Modelagem molecular do receptor canabinoide tipo-1 do papagaio-verdadeiro (*Amazona aestiva*) : análise dos modos de acoplamento de fitocanabinoides / Elpídio Vicente dos Santos Júnior ; orientador Tiago Branquinho Oliveira. — São Cristóvão, SE, 2025.

92 f.

Dissertação (mestrado em Biotecnologia) – Universidade Federal de Sergipe, 2025.

1. Biotecnologia. 2. Farmacologia. 3. Canabinoides — Uso terapêutico — Pesquisa. 4. Fitoquímicos. 5. Vertebrados. I. Oliveira, Tiago Branquinho, orient. II. Título.

CDU 606:62:615

#### ELPÍDIO VICENTE DOS SANTOS JÚNIOR

# MODELAGEM MOLECULAR DO RECEPTOR CANABINOIDE TIPO-1 DO PAPAGAIO-VERDADEIRO (*Amazona aestiva*): ANÁLISE DOS MODOS DE ACOPLAMENTO DE FITOCANABINOIDES

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia da Universidade Federal de Sergipe como requisito à obtenção do grau de Mestre em Biotecnologia.

Orientador: Prof. Dr. Tiago Branquinho Oliveira

1º Examinador: Prof. Dr. Marcus Vinícius de Aragão Batista

2° Examinador: Prof. Dr. José Diogo de Lisboa Dutra



Dedico este momento à minha família, meu alicerce. Agradeço, com amor, a cada um de vocês (presentes ou em memória) por estarem para sempre no meu coração.

Sou profundamente grato, desde a energia acolhedora do segurança na entrada da universidade até o Divino e à Mãe Terra, pelo dom da vida, pelas oportunidades preciosas e pelos aprendizados que me trouxeram até aqui. À espiritualidade, agradeço pelo acalanto, pela direção e pela força que me sustentaram ao longo da caminhada.

Sigo a metáfora de Bernardo de Chartres, que fala sobre os añoes estarem "sobre os ombros de gigantes". Por isso, agradeço imensamente ao meu orientador, Dr. Tiago Branquinho Oliveira. Sou profundamente grato por ter sido guiado por alguém tão acolhedor, gentil e comprometido com a ciência. Foi uma honra imensa ser seu orientado e ver o mundo a partir de sua perspectiva.

Serei sempre grato a outros grandes nomes que contribuíram com esta jornada: professores Dr. Marcus Vinícius de Aragão Batista e Dr. Auderlan Mendonça de Gois, pelas valiosas inspirações acadêmicas; a Lucas Alexandre, pelo suporte técnico e intelectual; e aos veteranos do grupo *Computer Aided Science*: Eduardo Borba, Yria, Joyce e Valéria Paixão, pelo apoio generoso e constante ao longo desta trajetória.

À minha teia de afeto, em especial a minha linda companheira, Tainara; e aos grandes amigos: Gabriel, Carleani, Ranniver, Helon, Agnes, Laís, Belgrano, Vitor, Ketlen, 'Jeu', 'Bel', Iracema, 'Duda', Elvis, Nzulu, Rafaela, Anne, Lucas, 'Grazi', André, Elenir, 'Jeff', Marcelo e Neto.

Agradeço imensamente a energia incrível transmitida por meus irmãos e irmãs da Capoeira: Himalaia, Atena, Panamá, Caramelo, Raiteki, Roque, Tucano, Iracema, Salomé, Xogum, Bravo e Olímpia. Vocês inspiram a parte mais brilhante da luz que há em mim.

Além das contribuições individuais, este trabalho contou com apoios institucionais essenciais, como o financiamento da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) – Código 001. Registro ainda, imensa gratidão ao Centro Nacional de Processamento de Alto Desempenho em São Paulo (CENAPAD-SP), pela concessão de acesso ao supercomputador *Lovelace*. Obrigado CENAPAD, por todo o suporte técnico e computacional!

Por fim, agradeço aos animais e às plantas, fontes de inspiração e aprendizado. Sinto-me honrado como médico veterinário por contribuir e ser voz no resgate de saberes ancestrais e na valorização do potencial da natureza.

"Plantas não são medicina alternativa, elas são a original!" – Citação popular

Em 1915, o brasileiro Dr. José Rodrigues
dá uma palestra nos Estados Unidos
sobre a mxcxnhx e seus efeitos.

Muitos mitos que duram até ho je
foram plantados nesse dia.

A RAÇA NEGRA,
SELVAGEM E IGNORANTE,



Tirinha do livro "DIAMBA Histórias do Proibicionismo no Brasil". PAIVA, 2023.

Em contraste com visões ainda marcadas por estigmas, a perspectiva de um médico e neurocientista verdadeiramente comprometido com a ciência e a saúde pública, revela uma mudança de paradigma:

"A maconha está para a medicina do século XXI, assim como os antibióticos foram para a medicina do século XX". – Dr. Sidarta Ribeiro

#### **RESUMO**

O receptor canabinoide tipo-1 (CB1) tem recebido crescente atenção da comunidade científica devido ao seu papel central na manutenção da homeostase, sobretudo pelas funções farmacológicas nos sistemas nervoso e imunológico. Presente em todos os vertebrados, o CB1 também desperta interesse pelo potencial terapêutico dos metabólitos secundários de Cannabis sativa (Linnaeus, 1753), cujos ligantes exibem alta afinidade pelo sítio de ligação canônico, estimulando o desenvolvimento de fármacos voltados à modulação do sistema endocanabinoide, inclusive com aplicações potenciais na medicina de aves silvestres. Neste estudo, construiu-se um modelo tridimensional do receptor CB1 de Amazona aestiva (Linnaeus, 1758), espécie de papagaio sul-americano cuja estrutura experimental ainda não foi elucidada. Dessa forma, o receptor-alvo foi obtido por homologia, refinado em membrana por simulações de dinâmica molecular de 500-ns com GROMACS, e empregado na triagem virtual de diversos metabólitos secundários de C. sativa compilados da literatura (567 compostos da planta, acrescidos do agonista de referência). O docking molecular foi conduzido no sítio ativo do receptor com o algoritmo genético GOLD, utilizando o agonista total CP55,940 como controle. Os resultados mostraram que as canabisinas, sobretudo as dez variantes testadas, apresentaram alta tendência de interação com o receptor CB1, superando até mesmo o ligante de referência CP55,940. O modelo também previu elevada afinidade para o canabisol, um fitocanabinoide dimérico derivado do Δ9-tetrahidrocanabinol, reconhecido por sua potente atividade agonista em CB1. Outro achado relevante foi o canabitwinol, dímero do canabidiol associado a receptores termorregulatórios, cuja alta afinidade sugere possível atividade bivalente, ampliando hipóteses teóricas sobre seus mecanismos de ação. Por fim, o presente estudo evidencia a aplicabilidade de abordagens in silico na triagem e priorização de candidatos promissores a fármacos seletivos para o CB1 de A. aestiva, oferecendo subsídios para investigações experimentais sobre a relevância farmacológica dos metabólitos de C. sativa em aves silvestres.

Palavras-chave: CB1; modelagem por homologia; dinâmica molecular; triagem virtual; metabólitos secundários.

#### **ABSTRACT**

The cannabinoid type-1 receptor (CB1) has received increasing attention from the scientific community due to its central role in maintaining homeostasis, particularly for its pharmacological functions in the nervous and immune systems. Present in all vertebrates, CB1 is also attracting interest due to the therapeutic potential of secondary metabolites from Cannabis sativa (Linnaeus, 1753), whose ligands exhibit high affinity for the canonical binding site, stimulating the development of drugs aimed at modulating the endocannabinoid system, including potential applications in wild bird medicine. In this study, a three-dimensional model of the CB1 receptor from Amazona aestiva (Linnaeus, 1758), a South American parrot species whose experimental structure has not yet been elucidated, was constructed. Thus, the target receptor was obtained by homology, refined in membranes using 500-ns molecular dynamics simulations with GROMACS, and used in the virtual screening of several C. sativa secondary metabolites compiled from the literature (567 compounds from de plant, plus the reference agonist). Molecular docking was performed in the receptor active site using the GOLD genetic algorithm, using the full agonist CP55,940 as a control. The results showed that cannabisins, especially the ten variants tested, exhibited a high tendency to interact with the CB1 receptor, surpassing even the reference ligand CP55,940. The model also predicted high affinity for cannabisol, a dimeric phytocannabinoid derived from  $\Delta^9$ -tetrahydrocannabinol, recognized for its potent CB1 agonist activity. Another relevant finding was cannabitwinol, a cannabidiol dimer associated with thermoregulatory receptors, whose high affinity suggests possible bivalent activity, expanding theoretical hypotheses about its mechanisms of action. Finally, this study highlights the applicability of in silico approaches in the screening and prioritization of promising drug candidates selective for CB1 from A. aestiva, providing support for experimental investigations into the pharmacological relevance of C. sativa metabolites in wild birds.

**Key-words:** CB1; homology modeling; molecular dynamics; virtual screening; secondary metabolites.

# SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	12						
2.	REFERENCIAL TEÓRICO	13						
2.1	A Espécie em Estudo	13						
2.2	Interações entre Fitocanabinoides e Sistemas Biológicos							
2.3	Aspectos Históricos, Taxonomia & Biossíntese de Fitocanabinoides							
2.4	Ferramentas Computacionais na Elucidação de Interações Proteína-Ligante							
3.	JUSTIFICATIVA2							
4.	OBJETIVOS	25						
4.1	Geral	25						
4.2	Específicos	25						
5.	MATERIAIS E MÉTODOS	26						
5.1	MATERIAIS	26						
5.1.	Processamento de Dados e Ferramentas Computacionais	26						
5.2	MÉTODOS	28						
5.2.	1 Sequência Primária do Receptor CB1	28						
5.2.	2 Alinhamento Múltiplo de Sequências	29						
5.2.	Modelagem por Homologia e Validação do Modelo	29						
5.2.	4 Construção e Equilíbrio do Sistema de Simulação	30						
5.2.	5 Dinâmica Molecular	31						
5.2.	6 Otimização de Pequenas Moléculas	32						
5.2.	7 Etapas de Preparação Estrutural Pré-Triagem Virtual	33						
5.2.	8 Redocking e Triagem Virtual Baseada na Estrutura (SBVS)	34						
6.	RESULTADOS & DISCUSSÃO	35						
6.1	Análise do Alinhamento Múltiplo	35						
6.2	Ajuste na Estrutura Primária e Resultados da Modelagem Comparativa	35						
6.3	Preparação e Caracterização do Ambiente de Simulação	38						
6.4	Comportamento Conformacional em Dinâmica Molecular	41						
6.5	Análise de <i>redocking</i> : Interações-chave e Perfis de Ligação	43						
6.6	Docking molecular	44						
7.	CONSIDERAÇÕES FINAIS	50						
8.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	51						
9.	APÊNDICE A	68						
10.	APÊNDICE B	81						
11.	APÊNDICE C	90						

#### LISTA DE FIGURAS

Figura 1. O papagaio-verdadeiro	14
Figura 2. Modelo hipotético da região cranial e encefálica do papagaio-verdadeiro	15
Figura 3. Árvore filogenética de agrupamentos dos genes endocanabinoides	16
Figura 4. Representação esquemática da sinalização endocanabinoide	18
Figura 5. Representação esquemática da localização do receptor CB1	20
Figura 6. Diferenças morfológicas entre os cultivares de Cannabis	21
Figura 7. Esquema das vias biossintéticas de diversos fitocanabinoides	23
Figura 8. Resultados do alinhamento múltiplo de sequências com ClustalW	36
Figura 9. Validação estrutural do modelo computacional de CB1	38
Figura 10. Resultados do construtor de membranas	39
Figura 11. Modelo do complexo proteína-bicamada	40
Figura 12. Convergência energética (a) e equilíbrio térmico (b) na fase inicial da simulaç	ção 41
Figura 13. Variação da flutuação residual ao longo da simulação de dinâmica	43
Figura 14. Resultados de <i>redocking</i> molecular das referências (PDB: 7WV9 & CP55,940	0)44
Figura 15. Melhores poses de ligação do THCD e CBDD no sítio ortostérico de CB1	47

### LISTA DE QUADROS

Quadro 1.	Ranking	dos 10 f	itocanabin	oides	com ma	iior afinidad	e espo	ntânea a	o CB1	de
Amazona										
aestiva										.45
	_									
Quadro 2.	Ranquear	nento da	espontane	eidade	putativa	ı de ligação	dos fi	tocanabı	noides	$\Delta^9$
THCP,	CBDP,	$\Delta^9$ -THC	C e	CBD	ao	receptor	CB1	de	Amaz	onc
aestiva										49

### LISTA DE GRÁFICOS

<b>Gráfico 1.</b> Desvio médio do <i>backbone</i> da proteína ao longo de 500 ns de simulação42

#### LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

 $\Delta^9$ -THC –  $\Delta^9$ -tetrahidrocanabinol

 $\Delta^9$ -THCP –  $\Delta^9$ -tetrahidrocanabiforol

BLAST - Basic Local Alignment Search Tool

CBD - Canabidiol

CBDP - Canabidiforol

CBDD - Canabitwinol

CPU - Central Processing Unit

DM – Dinâmica Molecular

GPCR – G Protein-Coupled Receptor

IA – Inteligência Artificial

MUFA - Mono-Unsaturated Fatty Acid

NCBI – National Center of Biotechnology Information

PDB – Protein Data Bank

PUFA – Poly-Unsaturated Fatty Acid

RAM – Random Access Memory

RMSD – Root Mean Square Deviation

RMSF – Root Mean Square Fluctuation

SBVS – Structure-Based Virtual Screening

TFLOP - Tera Floating Point Operations Per Second

THCD - Canabisol

TRP – Receptor de Potencial Transiente

#### 1. INTRODUÇÃO

A espécie *Amazona aestiva* (Linnaeus, 1758) é amplamente reconhecida por sua inteligência, sendo uma das aves mais populares no Brasil. Suas notáveis habilidades incluem a capacidade de resolver problemas complexos, aprender rapidamente e imitar vozes e músicas, características que a colocam em destaque entre os psitacídeos (Mendonça-Furtado & Ottoni, 2008; Godinho *et al.*, 2020; Kaplan, 2021). Além de suas aptidões cognitivas, *A. aestiva* se distingue por possuir genes associados à alta resistência a danos no DNA e à atividade antioxidante, fatores essenciais para sua longevidade (Wirthlin *et al.*, 2018).

Estudos indicam que a longevidade dos psitacídeos está relacionada não apenas a características próprias das aves, como a presença de ácido úrico com função antioxidante (Koivula & Eeva, 2010), mas também a uma maior proporção de ácidos graxos poli-insaturados (PUFA) em relação aos mono-insaturados (MUFA) nas membranas celulares (Turner *et al.*, 2005; Hulbert *et al.*, 2010; Montgomery *et al.*, 2012). Além disso, o cérebro relativamente grande em proporção ao corpo também é observado em seres humanos, o que tem motivado investigações sobre possíveis convergências evolutivas entre papagaios e primatas nos mecanismos relacionados à longevidade e às capacidades cognitivas (Gutiérrez-Ibáñez *et al.*, 2018; Wirthlin *et al.*, 2018).

Nesse mesmo contexto, o estudo das características evolutivas complexas evidencia que as aves também se destacam pela alta densidade neuronal e pela presença de circuitos neurais sofisticados, frequentemente associados a padrões de convergência com mamíferos (Olkowicz et al., 2016; Gutiérrez-Ibáñez et al., 2018). Entre os *Psittaciformes*, um achado particularmente relevante é a perda do receptor canabinoide tipo-2 (CB2), o que pode ter implicações na regulação fisiológica dessas aves (Dívin et al., 2022). Esse fato ressalta a importância de investigar mais profundamente o receptor canabinoide tipo-1 (CB1), especialmente em razão de seu papel central na homeostasia (Mechoulam & Parker, 2013).

A terapia fitocanabinoide tem se destacado na medicina veterinária por seus efeitos em diferentes patologias, com efeitos já descritos na convulsão, ansiedade e no manejo de sequelas de cinomose (Hartsel *et al.*, 2019; Hazzah *et al.*, 2020). Em humanos, seus efeitos têm sido explorados em doenças neurodegenerativas, condições associadas ao HIV e diversos tipos de câncer (Verma *et al.*, 2021). Esse crescente interesse decorre da ação multifuncional dos fitocanabinoides sobre diferentes receptores, entre eles o CB1. Contudo, as interações desse receptor com outros componentes do sistema endocanabinoide permanecem pouco

compreendidas, sobretudo em espécies não mamíferas, como os papagaios, configurando um campo promissor para investigações futuras.

Para tanto, as abordagens *in silico* têm se consolidado como fundamentais na investigação de substâncias com potencial bioativo, permitindo a modelagem de estruturas receptoras, a caracterização detalhada da interação proteína-ligante e a análise do impacto dos solventes na estabilidade conformacional de biopolímeros (Montero *et al.*, 2005; Sarkar *et al.*, 2017). Essas metodologias são essenciais para a otimização do desenvolvimento racional de medicamentos canabinoides, possibilitando a predição de afinidades de ligação, ajustes estruturais e potenciais efeitos adversos antes da validação experimental (Bow & Rimoldi, 2016; Almeida *et al.*, 2024). Além disso, a aplicação dessas técnicas é particularmente relevante para investigar como os canabinoides modulam a estrutura e a função do receptor canabinoide remanescente nos psitacídeos, uma vez que essas aves apresentam maior suscetibilidade à neuroinflamação induzida (Dívin *et al.*, 2022).

#### 2. REFERENCIAL TEÓRICO

#### 2.1 A Espécie em Estudo

Entre as 398 espécies conhecidas da Ordem *Psittaciformes*, que incluem as famílias *Psittacidae*, *Psittaculidae*, *Cacatuidae* e *Strigopidae* (Burgio *et al.*, 2019), destaca-se o papagaio-verdadeiro (*A. aestiva*) como uma das aves mais inteligentes entre elas (Mendonça-Furtado & Ottoni, 2008; Godinho *et al.*, 2020; Kaplan, 2021). Essa espécie é típica de florestas tropicais e é nativa da América do Sul, incluindo áreas da Argentina, Bolívia, Brasil e Paraguai (Collar *et al.*, 2020; Seixas & Mourão, 2022). Um indivíduo adulto saudável pode pesar aproximadamente 400/500 gramas, medir de 36 a 38 centímetros de comprimento e ultrapassar os 60 anos de vida em condições adequadas (Grespan & Raso, 2014; Nascimento *et al.*, 2017; Burgio *et al.*, 2019).

A espécie apresenta temperatura corporal elevada, entre 41 e 44 °C, reflexo de um metabolismo acelerado mesmo sob leve estresse (Greenacre & Lusby, 2004; Paula *et al.*, 2008). Esse padrão é comum em aves, especialmente naquelas fisiologicamente adaptadas ao ambiente, com regulação térmica eficiente e alta demanda energética (Grespan & Raso, 2014; Paula *et al.*, 2013). Além dos aspectos metabólicos, *A. aestiva* apresenta uma plumagem vibrante, cuja coloração desempenha um papel crucial tanto na camuflagem contra predadores quanto na comunicação intraespecífica, sendo um fator determinante em interações sociais e

comportamentais (Lopes *et al.*, 2018). A **Figura 1** ilustra essa coloração, destacando sua relevância ecológica e adaptativa.

**Figura 1. O papagaio-verdadeiro.** A espécie *Amazona aestiva*, comumente conhecida como "papagaio-verdadeiro", é ilustrada pousada em um galho de pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Prance & Silva, 1973), uma espécie arbórea endêmica amplamente distribuída pelo Cerrado brasileiro (Carvalho, 2008).



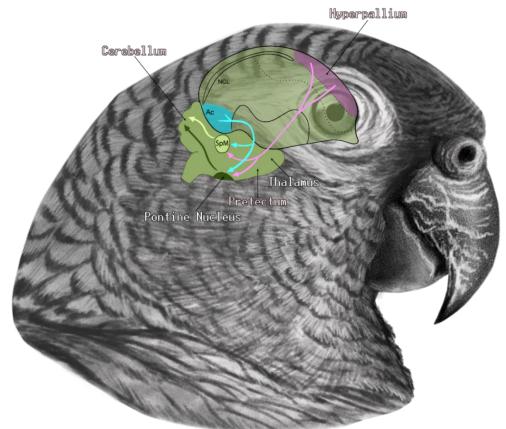
**Fonte:** Ilustração de Fernando Igor de Godoy. Seu trabalho está disponível em: /www.ornitologiaearte.com/.

Amazona aestiva é uma das aves mais comercializadas do mundo, impulsionada tanto por sua sociabilidade e notáveis capacidades cognitivas quanto pela intensa demanda no comércio de animais silvestres (Toft & Wright, 2015; Kuhnen & Kanaan, 2017; Zhang et al., 2023). Em cativeiro, condições ambientais inadequadas favorecem o surgimento de distúrbios neuropsiquiátricos, como comportamentos compulsivos, agressividade, estresse e automutilação (Grespan & Raso, 2014; Marietto-Gonçalves, 2016). Além disso, esses fatores aumentam a vulnerabilidade das aves a doenças parasitárias e intoxicações por diversos metais, como o zinco, cuja exposição excessiva está associada à intensificação do estresse oxidativo (Nascimento et al., 2017; Koivula & Eeva, 2010; Savarese et al., 2020). Diante desse contexto, a adoção de estratégias de manejo adequadas e a preservação dos habitats naturais são medidas essenciais para assegurar a saúde e o bem-estar da espécie (Grespan & Raso, 2014; Lopes et al., 2018).

A relevância cognitiva dos psitacídeos, incluindo *A. aestiva*, está diretamente relacionada à sua neuroanatomia altamente especializada. Essas aves possuem um Núcleo Espiriforme Medial (SpM: **Figura 2**) altamente desenvolvido, fundamental para a

conectividade entre o telencéfalo (destacado na **Figura 2**), o *hyperpallium* (rosa), o *arcopallium* e o núcleo pontino (verde escuro), este último projetando-se em direção ao cerebelo, assim como o SpM (verde claro). Segundo Gutiérrez-Ibañez *et al.* (2018), essas redes neurais avançadas desempenham um papel crucial na coordenação motora e no processamento cognitivo de alto nível. Além disso, os pesquisadores destacam que o tamanho do SpM varia entre os psitacídeos, podendo ser de duas a cinco vezes maior do que em outras aves, refletindo a expansão dessas vias de comunicação neural.

Figura 2. Modelo hipotético da região cranial e encefálica do papagaio-verdadeiro. Legenda: NCL= *Nidopallium* caudolateral, Ac, azul= *Arcopallium*, SpM= Núcleo Espiriforme Medial.

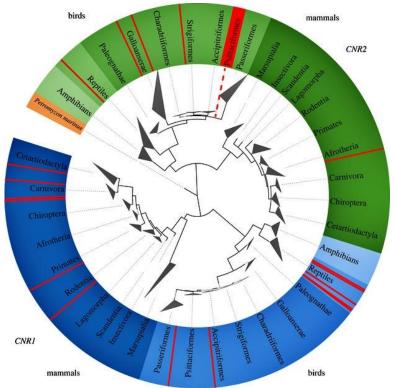


**Fonte:** Ilustração de Whendel Silva Rodrigues, com base em Carril *et al.* (2015), Gutiérrez-Ibañez *et al.* (2018) e Faillace *et al.* (2020).

As adaptações neurológicas mencionadas não apenas sugerem um potencial para habilidades cognitivas avançadas, como aprendizado sofisticado e resolução de problemas complexos, observados em *A. aestiva* (Mendonça-Furtado & Ottoni, 2008; Godinho *et al.*, 2020; Kaplan, 2021), mas também refletem processos evolutivos distintos nos psitacídeos. Um exemplo marcante foi identificado por Dívin *et al.* (2022), que demonstraram uma maior vulnerabilidade ao estresse neuroinflamatório nas espécies da ordem *Psittaciformes* devido à perda do receptor CB2, o qual está intimamente ligado ao sistema nervoso periférico (SNP). A

pesquisa revelou a ausência do gene *CNR2* nos bancos de dados genéticos, conforme ilustrado na **Figura 3**. Essa adaptação evolutiva decorreu da pseudogenização de *CNR2*, resultando em rearranjos cromossômicos sem indícios de regulação compensatória (Dívin *et al.*, 2022).

**Figura 3. Árvore filogenética de agrupamentos dos genes endocanabinoides**. Legenda: Os receptores CNR1 são representados em azul, e os CNR2 em verde. *Petromyzon marinus* (Linnaeus, 1758) é indicado como a raiz, representando o ancestral comum dos genes. Os triângulos multiformes nas extremidades representam ramos específicos de táxons simplificados ou colapsados. A cor vermelha destaca a ausência de receptores, indicando casos em que estes não foram identificados nos bancos de dados.



Fonte: Dívin et al., 2022.

A perda do receptor CB2 nos psitacídeos pode ter representado uma adaptação evolutiva vantajosa, especialmente em ambientes nos quais a redução da resposta imunológica contribui para a supressão de reações oxidativas e inflamatórias excessivas (Guan, 2007; Koivula & Eeva, 2010; Larcombe *et al.*, 2015). Contudo, estudos clínicos, epidemiológicos e moleculares indicam que os psitacídeos apresentam alta suscetibilidade a infecções por bornavírus, que afetam predominantemente o SNP (Encinas-Nagel *et al.*, 2014; Zhang *et al.*, 2023; Schimitt *et al.*, 2024). Além disso, considerando que o CB2 exerce um papel crucial na modulação da imunidade, sua ausência pode estar relacionada a uma maior predisposição ao desenvolvimento de doenças infecciosas, reforçando a necessidade de pesquisas adicionais sobre este tema (Mechoulam & Parker, 2013; Dívin *et al.*, 2022).

A relação entre o sistema endocanabinoide (SECB) e a resposta imune torna ainda mais relevante a distinção funcional entre os receptores CB1 e CB2. Embora intimamente relacionados, com 44% de similaridade na sequência de aminoácidos e 68% de homologia nas regiões transmembrana (Munro *et al.*, 1993; Montero *et al.*, 2005), esses receptores desempenham papéis distintos. O CB1 está predominantemente associado ao sistema nervoso central (SNC), enquanto o CB2 atua principalmente no sistema imunológico (Elphick, 2012; Bow & Rimoldi, 2016). Assim, embora a perda do CB2 nos psitacídeos possa ter conferido certas vantagens adaptativas, ela também trouxe desafios fisiológicos que podem comprometer funções essenciais à saúde desses animais (Dívin *et al.*, 2022).

#### 2.2 Interações entre Fitocanabinoides e Sistemas Biológicos

Os receptores CB1 integram a família dos receptores acoplados à proteína G (GPCRs), mais especificamente do tipo Gi/o, cuja ativação leva à inibição da enzima adenilato ciclase (Mechoulam & Parker, 2013). Classificados na subfamília "A" dos GPCRs, apresentam estrutura semelhante à da rodopsina. Estão amplamente distribuídos no SNC dos cordados, incluindo mamíferos, aves, répteis e anfíbios, onde desempenham papéis regulatórios fundamentais (Lutz, 2002; Elphick & Egertová, 2009; Elphick, 2012).

Em mamíferos e aves, os receptores CB1 se concentram em regiões cerebrais associadas à cognição, memória, aprendizado e controle motor, como o hipocampo, os gânglios da base, o bulbo olfatório e o cerebelo (Herkenham *et al.*, 1990; Alonso-Ferrero *et al.*, 2006; Hu & Mackie, 2015). Especificamente em psitacídeos, estudos com *Melopsittacus undulatus* (Gould, 1805) revelaram alta densidade desses receptores em áreas como o cerebelo, o núcleo taenia da amígdala, o núcleo preóptico medial, o núcleo pretectal (possivelmente o SpM), o núcleo paramediano interno do tálamo, bem como no arcopálio dorsal e intermediário (Alonso-Ferrero *et al.*, 2006).

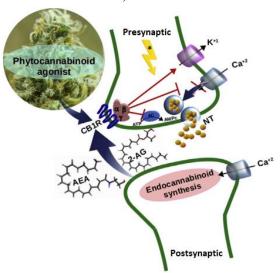
Embora a expressão do CB1 seja majoritariamente neuronal, variantes geradas por *splicing* alternativo do gene *CNR1*, como a isoforma CB1-b, podem ser encontradas em tecidos periféricos, incluindo figado, células imunes e outros tipos celulares não neuronais (Lutz, 2002; Howlett *et al.*, 2010; Laprairie *et al.*, 2012). Além disso, estudos recentes identificaram a presença de receptores CB1 em organelas intracelulares, como endossomas e mitocôndrias, ampliando a complexidade funcional do sistema endocanabinoide (Kendall & Yudowski, 2017; Busquets-García *et al.*, 2018).

Através do SECB, CB1 atua como um modulador fino da comunicação neuronal, promovendo a homeostase por meio da regulação da sinalização sináptica. Seus principais ligantes endógenos – a anandamida (AEA) e o 2-araquidonoilglicerol (2-AG) – são sintetizados sob demanda na membrana do neurônio pós-sináptico e ativam os receptores CB1 presentes na membrana pré-sináptica. Essa ativação desencadeia cascatas intracelulares que envolvem a inibição da adenilato ciclase e dos canais de cálcio voltagem-dependentes, além da ativação de canais de potássio, resultando em menor liberação de neurotransmissores como glutamato e GABA (Fanovich *et al.*, 2020; Liao *et al.*, 2023).

A terminação da sinalização é mediada pelas enzimas FAAH (amida hidrolase de ácidos graxos), que degrada a AEA, e MGL (monoacilglicerol lipase), responsável pela hidrólise do 2-AG. Entre os canabinoides exógenos, o Δ9-tetrahidrocanabinol (Δ9-THC) atua como agonista parcial do CB1, enquanto o canabidiol (CBD) age como modulador alostérico negativo, influenciando a eficácia da sinalização endocanabinoide (Di Marzo & Piscitelli, 2015; Wu & Mackie, 2015; Shahbazi *et al.*, 2020).

Essa modulação é particularmente relevante no contexto terapêutico, pois interfere diretamente na excitabilidade sináptica e no equilíbrio neuroquímico. A ativação controlada do SECB tem sido associada a potenciais benefícios em distúrbios como esquizofrenia, depressão, epilepsia e doença de Alzheimer, ao favorecer a redução da hiperexcitabilidade neuronal e a restauração da homeostase cerebral (Cooray *et al.*, 2020; Verma *et al.*, 2021).

Figura 4. Representação esquemática da sinalização canabinoide. Legenda: \*= neurônio pré-sináptico; CB1R= receptor CB1;  $\alpha$ ,  $\beta$  e  $\gamma$ = subunidades alfa, beta e gama da proteína Gi; AEA= anandamida; 2-AG= 2-araquidonoilglicerol; Ca<sup>+2</sup>= cálcio; K<sup>+1</sup>= potássio; AC= enzima adenilato ciclase; ATP= adenosina trifosfato; AMPc= adenosina monofosfato cíclico.



Fonte: Adaptado de Fanovich et al. (2020).

É importante ressaltar que, além das interações com receptores isolados, os receptores clássicos do SECB, CB1 e CB2, possuem a capacidade de formar heterômeros com outros receptores acoplados à proteína G, ampliando consideravelmente a complexidade da sinalização celular (Di Marzo, 2020). A formação desses heterômeros, por exemplo com proteínas como a β-arrestina, pode resultar em respostas celulares mais específicas e moduladas (Morales *et al.*, 2020; Liao *et al.*, 2023). Esse mecanismo contribui para a diversidade funcional do SECB e influencia uma ampla gama de processos fisiológicos, incluindo a percepção sensorial, o controle emocional e a regulação da resposta inflamatória (Berman *et al.*, 2020; Silver, 2021).

Nesse contexto de complexidade e plasticidade funcional, os fitocanabinoides desempenham um papel central ao modularem amplamente o SECB. Sua atuação não se limita aos receptores canabinoides clássicos (CB1 e CB2), mas estende-se também a canais iônicos e a outros GPCRs, como GPR55 e GPR18 (Yang *et al.*, 2015; Di Marzo, 2020). Compostos como o *cannabitwinol*, derivado do CBD, exercem efeitos moduladores sobre Receptores de Potencial Transiente (TRP), como TRPA1 e TRPM8 (De Petrocelis *et al.*, 2011; Chianese *et al.*, 2020), enquanto o Δ9-THC pode influenciar receptores de glicina (Alvarez & Alves, 2023). Esse conjunto expandido de receptores e vias de sinalização constitui o chamado endocanabinoidoma¹, conceito que evidencia a importância do SECB na regulação adaptativa frente a diferentes estados fisiológicos e patológicos (Silver, 2019; Berman *et al.*, 2020; Di Marzo, 2020).

A ativação do receptor CB1, assim como de outros receptores do tipo GPCR, depende de um conjunto de aminoácidos conservados no sítio ortostérico, conhecidos como resíduos "chave-seletora" e "interruptores de alternância dupla". Esses resíduos atuam como biomarcadores estruturais, essenciais para a estabilização dos ligantes (Liao *et al.*, 2023; Docampo-Palcios *et al.*, 2024). No CB1, destacam-se interações com a fenilalanina 200 (F200<sup>3.36</sup>)<sup>2</sup> e o triptofano 356 (W356<sup>6.48</sup>), localizados abaixo do sítio de atividade ortostérica, nas hélices transmembrana TM3 e TM6, respectivamente (Wu *et al.*, 2022). Tais interações foram identificadas em complexos com ligantes como o agonista CP55,940 (Shao *et al.*, 2019; Kumar *et al.*, 2019) e o composto sintético MDMB-FUBINACA (Liao *et al.*, 2023), conforme

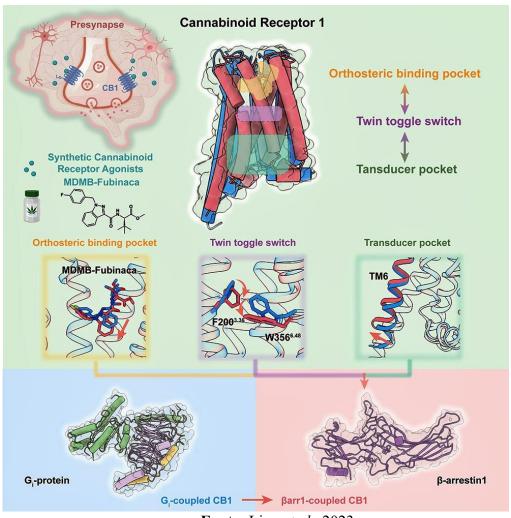
-

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup> O termo 'Endocanabinoidoma' foi cunhado para refletir a complexidade do sistema de interconexões do SECB, adotando o sufixo 'oma', assim como outros termos relacionados, como 'genoma', 'proteoma' e 'metaboloma' (DI MARZO & WANG, 2014; BERMAN *et al.*, 2020).

<sup>&</sup>lt;sup>2</sup> A numeração dos resíduos (ex.: F200^3.36) segue a convenção de Ballesteros-Weinstein, amplamente utilizada para identificar posições conservadas em receptores do tipo GPCR (BALLESTEROS & WEINSTEIN, 1995).

representado esquematicamente na **Figura 5**. Esses elementos estruturais são determinantes para a eficácia da transdução do sinal e modulam diretamente a sensibilidade do receptor a compostos bioativos, incluindo derivados de origem vegetal (Wu *et al.*, 2022; Yang *et al.*, 2022; Docampo-Palcios *et al.*, 2024).

Figura 5. Representação esquemática das interações moleculares do receptor CB1. Legenda: Em destaque, o agonista sintético MDMB-FUBINACA no sítio ortostérico, os principais domínios de ativação do receptor, os resíduos de acomodação ("chave-seletora") localizados na base do bolso ortostérico, além da formação de um heterômero funcional com a β-arrestina.



**Fonte:** Liao *et al.*, 2023.

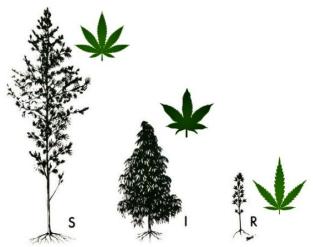
#### 2.3 Aspectos Históricos, Taxonomia & Biossíntese de Fitocanabinoides

Historicamente marginalizada no Brasil por preconceitos, racismo e políticas proibicionistas, a maconha é uma planta de uso milenar na medicina tradicional, empregada no tratamento de diversas doenças (Brown, 2019; Paiva, 2023; Fordjour *et al.*, 2023). Pertencente

ao gênero *Cannabis* e à família *Cannabaceae*, trata-se de uma espécie dióica: com indivíduos femininos, que produzem inflorescências, e masculinos, comumente chamados de cânhamo. Sua classificação taxonômica tem sido alvo de revisões, e atualmente há consenso de que *Cannabis indica* (Lamarck, 1785) e *Cannabis ruderalis* (Janischewsky, 1924) são, na verdade, variedades de *Cannabis sativa* L. (Linnaeus, 1753), conforme discutido por McPartland (2018).

Essas variedades se diferenciam morfologicamente: *C. sativa* pode atingir até cinco metros de altura, com folhas longas e estreitas; *C. indica* é mais compacta, com altura entre 1 e 2 metros e folhas mais largas; já *C. ruderalis*, com apenas 30 a 100 centímetros de altura, destaca-se por seu ciclo de vida curto, resistência ao frio e capacidade de florescer independentemente do fotoperíodo (Anderson, 1980; Mcpartland, 2017). As distinções entre essas variedades incluem altura e formato foliar, conforme ilustrado na **Figura 6**.

**Figura 6. Diferenças morfológicas entre os cultivares de** *Cannabis.* Legenda: S= *C. sativa*; I= *C. indica*; R= *C. ruderalis.* 



Fonte: Adaptado de Anderson, 1980.

Assim, conforme a classificação taxonômica apresentada em diversas publicações (Anderson, 1980; Elsohly *et al.*, 2014; Mcpartland, 2018), discutem-se os seguintes padrões:

• Reino: Plantae

• Divisão: *Magnoliophyta* (Angiospermas)

• Classe: *Magnoliopsida* (Eudicotiledôneas)

• Ordem: *Urticales* 

• Família: Cannabaceae

• Gênero: Cannabis

• Espécie: Cannabis sativa L.

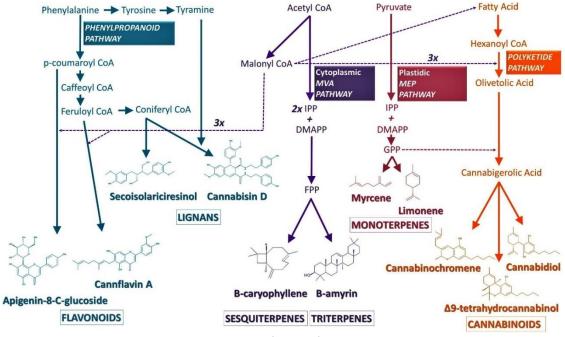
• Subespécies: *C. indica* e *C. ruderalis*.

Sobre a quimiotaxonomia da *Cannabis*, refere-se a substâncias (fitocanabinoides) presentes nos diferentes cultivares acima discutidos, os quais variam em localização e concentração na planta (Jin *et al.*, 2020; Radwan *et al.*, 2021). Por exemplo, a espécie *C. sativa* é conhecida por seus altos níveis de  $\Delta^9$ -THC, o principal composto psicoativo, que é um dos responsáveis pelos efeitos estimulantes e propriedades medicinais da planta. Diferentemente, a variedade *C. indica* é associada a níveis mais elevados de CBD, um composto também com diversas propriedades terapêuticas e relaxantes. Já a *C. ruderalis* apresenta baixo teor de  $\Delta^9$ -THC (Elsohly *et al.*, 2014; Elsohly *et al.*, 2017). Nas flores feminizadas, os tricomas glandulares apresentam a maior concentração de  $\Delta^9$ -THC e CBD, sendo estes os constituintes majoritários produzidos pela *Cannabis* (Jin *et al.*, 2020).

Para além do Δ<sup>9</sup>-THC e do CBD – dois entre os cerca de 160 canabinoides canônicos já identificados (Elsohly & Gul, 2014; Elsohly *et al.*, 2017; Saumell-Esnaola *et al.*, 2020), as plantas do gênero *Cannabis* produzem mais de 400 compostos adicionais não classificados como canabinoides, abrangendo uma ampla diversidade estrutural (Radwan *et al.*, 2021; Fordjour *et al.*, 2023; Oswald *et al.*, 2023). Entre essas substâncias, destacam-se ligantes fenólicos como lignanas e flavonoides, que vêm despertando crescente interesse científico devido às suas propriedades antioxidantes, com ênfase no potencial terapêutico para doenças neurodegenerativas (Pollastro *et al.*, 2018; Cooray *et al.*, 2023; Erridge *et al.*, 2020).

Esses fitocanabinoides, são sintetizados por diversas vias biossintéticas, incluindo descarboxilação, oxidação e ação enzimática (Di Marzo & Piscitelli, 2015). Por exemplo, os flavonoides e lignanas derivam da via da Fenilalanina, que envolve a conversão de várias coenzimas, incluindo a *Coniferyl CoA* e *Malonyl CoA*. Outras vias relevantes incluem a do piruvato e a *Acetyl CoA*, que resultam na formação de uma série de terpenos (Andre *et al.*, 2016). A via da *Hexanoyl CoA* leva à produção do ácido olivetólico e do ácido canabigerólico (CBGA), conforme especificado na **Figura 7**. O CBGA é um precursor essencial na síntese de outros canabinoides canônicos, como o canabicromeno (CBC), o Δ<sup>9</sup>-THC e o CBD, desempenhando um papel crucial na biologia da planta de *Cannabis* (Lutz, 2002; Dawidowicz *et al.*, 2021). Ademais, a interação entre canabinoides, flavonoides, terpenos e outras substâncias, frequentemente referida como "efeito *entourage*", sugere que a combinação total desses elementos pode potencializar os efeitos terapêuticos da planta, tornando-a ainda mais valiosa para aplicações medicinais (Almeida *et al.*, 2024; Simei *et al.*, 2024).

**Figura 7. Esquema das vias biossintéticas de diversos fitocanabinoides.** O deslocamento de precursores é indicado por setas pontilhadas, enquanto as reações catalíticas diretas são mostradas por setas em negrito. Legenda: IPP= isopentenil pirofosfato; DMAPP= dimetilalil pirofosfato; FPP= farnesil pirofosfato; GPP= geranil pirofosfato.



**Fonte:** Andre *et al.*, 2016.

#### 2.4 Ferramentas Computacionais na Elucidação de Interações Proteína-Ligante

A compreensão estrutural de proteínas é essencial para a elucidação dos mecanismos de interação molecular, estabilidade conformacional e especificidade funcional. Esses conhecimentos têm impulsionado avanços significativos em áreas como biomedicina e engenharia de biomoléculas (Alberts et al., 2013; Wu et al., 2022). Entre as abordagens mais utilizadas para obtenção de estruturas proteicas está a modelagem por homologia, uma técnica baseada na similaridade de sequência entre a proteína-alvo e proteínas homólogas com estruturas tridimensionais já determinadas experimentalmente (Waterhouse et al., 2024). Essa estratégia é particularmente relevante em contextos onde não há estruturas disponíveis por métodos experimentais, sendo amplamente aplicada no desenvolvimento racional de fármacos e terapias direcionadas (Duran-Frigola et al., 2013; Sharma et al., 2015).

No campo da Bioinformática Estrutural, técnicas como o *Structure-Based Virtual Screening* (SBVS), também conhecidas como *docking* molecular, permitem simular a interação entre ligantes – como pequenas moléculas bioativas – e alvos biomoleculares, como proteínas. Essa abordagem busca prever as poses de ligação mais favoráveis energeticamente e estimar a afinidade entre os componentes. O SBVS é amplamente utilizado na triagem de compostos com

potencial terapêutico e na otimização racional de ligantes (Rodrigues *et al.*, 2012; Cavasotto, 2017; Mizera *et al.*, 2020).

Além das interações entre proteínas e ligantes, fatores relacionados à membrana também exercem um papel crucial na atividade funcional dos receptores acoplados à G, como o CB1 (Sarkar et al., 2017). Dentre esses fatores, fosfolipídios e o colesterol destacam-se como moduladores-chave da dinâmica e da função desses receptores, influenciando seu comportamento em diferentes microambientes da membrana plasmática (Sejdiu & Tieleman, 2020; Laurella et al., 2023; Deganutti et al., 2025). Nesse contexto, simulações de dinâmica molecular (DM) tornam-se ferramentas indispensáveis para a investigação de interações mecanicistas relevantes, especialmente aquelas que envolvem a alta dinâmica dos GPCRs e sua interação com lipídios-chave. Tais abordagens fornecem insights fundamentais que contribuem para a compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos na atividade de receptores como o CB1, auxiliando diretamente na identificação de novos alvos e no desenvolvimento de fármacos mais específicos e eficazes (Hurst et al., 2019; Zou et al., 2019; Lee et al., 2020).

#### 3. JUSTIFICATIVA

Com o aumento do interesse na criação de papagaios do gênero *Amazona*, especialmente da espécie *A. aestiva*, como animais de estimação, tem-se observado um crescimento expressivo na incidência de distúrbios neuropsiquiátricos nessas aves. Tais condições estão frequentemente associadas à carência de estímulos cognitivos adequados, que são essenciais para a manutenção da saúde mental (Herrera & Hennessey, 2007; Lopes *et al.*, 2018). A ausência de enriquecimento ambiental adequado pode levar ao desenvolvimento de estresse e comportamentos anormais, como a automutilação, comprometendo seriamente o bem-estar dos animais (Grespan & Raso, 2014; Marietto-Gonçalves, 2016). Além disso, estudos recentes apontam que *A. aestiva* apresenta uma vulnerabilidade aumentada ao estresse inflamatório, atribuída, em grande parte, à perda funcional do receptor canabinoide CB2, um elemento-chave na modulação de processos inflamatórios e infecciosos (Dívin *et al.*, 2022).

Dessa forma, a investigação da modulação do receptor CB1, funcional em psitacídeos, configura-se como uma abordagem promissora para o desenvolvimento de terapias adjuvantes voltadas à restauração do equilíbrio orgânico e à mitigação dos efeitos do estresse, especialmente em aves de cativeiro. Tal estratégia visa promover uma melhor qualidade de vida para esses animais (Grespan & Raso, 2014; Di Salvo *et al.*, 2024). Em espécies como *Amazona* 

amazonica (Linnaeus, 1766) e Amazona ventralis (Müller, 1776), já foram descritos perfis farmacocinéticos favoráveis para o uso de fitocanabinoides, especialmente com o emprego de extratos isolados de canabidiol (CBD) (Carpenter *et al.*, 2022) e de extratos de espectro completo, ricos em CBD e ácido canabidiólico (CBDA), contendo menores concentrações de  $\Delta^9$ -tetrahidrocanabinol ( $\Delta^9$ -THC) e outros fitocanabinoides (Sosa-Higareda *et al.*, 2023). Esses achados reforçam a necessidade de aprofundar as pesquisas sobre o uso terapêutico da *Cannabis* em psitacídeos, com ênfase na identificação de compostos bioativos seletivos para o receptor CB1 no papagaio-verdadeiro, além de contribuir para a consolidação de sua aplicabilidade na medicina veterinária (Ritter *et al.*, 2020; Hazzah *et al.*, 2020).

#### 4. OBJETIVOS

#### 4.1 Geral

 Realizar modelagem molecular do receptor canabinoide tipo-1 (CB1) do papagaioverdadeiro (*Amazona aestiva*), investigando as acessibilidades transmembrana e interações proteína-ligante, com foco em 567 metabólitos secundários e um canabinoide sintético de referência.

#### 4.2 Específicos

- Determinar a estrutura tridimensional (3D) do receptor canabinoide do papagaioverdadeiro, com base em sua sequência de aminoácidos;
- Validar a estrutura 3D obtida, realizando uma comparação com uma proteína homóloga cuja estrutura foi resolvida experimentalmente;
- Simular a membrana plasmática com o receptor inserido em um modelo lipídico enriquecido, visando alcançar sua conformação mais estável;
- Reunir, filtrar e organizar um banco de dados de metabólitos secundários conhecidos da planta *Cannabis sativa* L.;
- Avaliar a afinidade de fitocanabinoides pelo sítio ortostérico do receptor CB1 de A.
   aestiva, com ênfase na espontaneidade do reconhecimento molecular, na acessibilidade
   estérica ao sítio de ligação e na estabilidade das interações proteína-ligante.

#### 5. MATERIAIS E MÉTODOS

#### 5.1 MATERIAIS

#### 5.1.1 Processamento de Dados e Ferramentas

A construção e parametrização dos modelos da proteína receptora, dos componentes de membrana e dos ligantes fitocanabinoides, foram realizadas com o auxílio de diversas ferramentas, bancos de dados e pacotes de *software*, detalhados a seguir. As etapas que demandaram menor capacidade computacional foram conduzidas em um notebook Lenovo® Ideapad S145, equipado com processador Intel® Core i5-8265U, 8 GB de memória RAM, placa de vídeo NVIDIA GeForce MX110 e sistema operacional *Windows* 10. Para os cálculos mais intensivos, especialmente as simulações de dinâmica molecular, utilizou-se o ambiente de processamento *Lovelace* – um sistema de alto desempenho composto por CPUs AMD EPYC 7662 e GPUs NVIDIA Tesla A100 – acessado por meio do *Windows Subsystem for Linux* (WSL) e do protocolo *Secure Shell* (SSH). O *Lovelace* possui capacidade teórica de processamento de 268 TFLOPs nas CPUs e 97 TFLOPs nas GPUs, sendo disponibilizado pelo Centro Nacional de Processamento de Alto Desempenho (CENAPAD) de São Paulo (cenapad.unicamp.br/30anos/).

- BIOVIA Discovery Studio Visualizer versão 24.1.0.23298, desenvolvido pela Dassault Systèmes (EUA), o Discovery Studio Visualizer é um software avançado para visualização e análise de estruturas biomoleculares, permitindo a criação de diagramas 2D, a investigação das interações entre proteínas e ligantes, e a interpretação detalhada de dados estruturais (Dassault Sintèmes, 2023).
- Cannabis Compound Database versão 1.0 (cannabisdatabase.ca), um banco de dados eletrônico disponível gratuitamente, lançado em 24 de junho de 2020 pelo Grupo de Pesquisa Wishart da University of Alberta, com apoio do Canadian Institutes of Health Research, Canada Foundation for Innovation e The Metabolomics Innovation Centre. Neste banco, contém informações detalhadas sobre pequenas moléculas encontradas em C. sativa, C. indica e híbridos de Cannabis (Wishart et al., dados não publicados).
- CHARMM-GUI Membrane Builder (Chemistry at HARvard Macromolecular Mechanics Graphical User Interface, Lehigh University, EUA), plataforma gráfica amplamente empregada na construção de modelos de membranas plasmáticas e na preparação de entradas para simulações de dinâmica molecular, sendo essencial para a modelagem e análise de sistemas complexos (Kern et al., 2023).

- UCSF ChimeraX versão 1.8, desenvolvido pela Resource for Biocomputing, Visualization, and Informatics (EUA), pacote de software amplamente utilizado para visualização, análise e manipulação de estruturas biomoleculares, incluindo modelos de membranas plasmáticas e outras macromoléculas (Goddard et al., 2018).
- SWISS-MODEL e Structure Assessment (University of Basel, Switzerland):

  Desenvolvidos pelo Swiss Institute of Bioinformatics (SIB), o SWISS-MODEL é uma plataforma para modelagem molecular disponível em: https://swissmodel.expasy.org/.

  Por outro lado, o Structure Assessment, disponível em: https://swissmodel.expasy.org/assess; oferece ferramentas para avaliar a qualidade estrutural de modelos proteicos, utilizando métricas como a análise do Diagrama de Ramachandran, essenciais na criação e validação de modelos tridimensionais de proteínas (Ramachandran et al., 1963; Waterhouse et al., 2018; Waterhouse et al., 2024).
- GOLD versão 2024.1.0 (Genetic Optimisation for Ligand Docking, Cambridge Crystallographic Data Centre, EUA): O GOLD é um algoritmo genético utilizado na triagem virtual de ligantes flexíveis. Desenvolvido pelo Cambridge Crystallographic Data Centre (CCDC), ele permite a realização de estudos de docking molecular com precisão, sendo uma ferramenta essencial em projetos de descoberta de fármacos e na análise de interações proteína-ligante (Jones et al., 1997);
- **GROMACS versão 2024.3** (*GROningen MAchine for Chemical Simulations*, *GROMACS Development Team*, *University of Groningen*, *Netherlands*): ferramenta amplamente utilizada para cálculos de dinâmica molecular, especialmente em simulações envolvendo interações entre macromoléculas e pequenos ligantes (Abraham *et al.*, 2015);
- KNIME versão 5.2.3: plataforma de análise de dados open-source, especialmente utilizada para mineração de dados e otimização de substâncias fitoquímicas. Desenvolvido pela Konstanz University, é uma ferramenta importante para análises de grandes volumes de dados químicos e biológicos, possibilitando a integração de diversos algoritmos e metodologias para análise e previsão de propriedades de compostos bioativos (Berthold et al., 2009);
- MEGA X versão 11 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis, MEGA
   Development Team, Arizona State University, USA): Software amplamente utilizado
   para análise filogenética e evolução molecular, incluindo ferramentas avançadas para

- alinhamento múltiplo de sequências. O MEGA X integra o ClustalW, um dos algoritmos mais confiáveis e utilizados para alinhamento de sequências (Kumar *et al.*, 2018);
- Marvin JS versão 25.3.0, desenvolvido pela ChemAxon Ltd. (EUA), plataforma web
  amplamente utilizada para ler entradas no formato SMILES e gerar estruturas 2D de
  substâncias (Chemaxon, 2024).
- PyMOL versão 3.1: Desenvolvido originalmente por Warren Delano e atualmente mantido pela Schrödinger, o PyMOL é uma ferramenta amplamente utilizada para visualização e manipulação de estruturas moleculares tridimensionais. Disponível em: https://pymol.org, o software permite a geração de imagens de alta qualidade, análises estruturais e a preparação de figuras científicas, sendo essencial em estudos de biologia estrutural, modelagem molecular e docking (Delano, 2002).
- UCLA-DOE LAB/ SAVES versão 6.1: servidor amplamente usado para validar modelos estruturais, integrando ferramentas como o *PROCHECK*, que avalia a qualidade de proteínas derivadas de modelagem computacional ou métodos experimentais (Laskowski *et al.*, 1993).
- XMGrace versão 5.1.25: Desenvolvido pela *Grace Development Team* (EUA), o *Grace* é um *software* de código aberto amplamente utilizado para a análise visual detalhada de dados quantitativos obtidos em simulações e experimentos computacionais. Ele é essencial para a interpretação e comunicação dos resultados em estudos biofísicos (Turner, 2005).

#### **5.2 MÉTODOS**

#### 5.2.1 Sequência Primária do Receptor CB1

A estrutura primária de uma proteína é o nível estrutural mais básico e fundamental para entender sua função biológica, uma vez que é a sequência de aminoácidos que determina o arranjo espacial dos átomos e, por conseguinte, a forma tridimensional da proteína (Alberts et al., 2013; Docampo-Palcios et al., 2024). Sendo assim, análise teve como foco principal investigar os aspectos funcionais do receptor CB1 de A. aestiva. A pesquisa da sequência foi realizada no GenBank, utilizando os termos "cannabinoid receptor amazona aestiva", com a opção "all databases". A estrutura selecionada (cannabinoid receptor 1 isoform X1 [Amazona 563 aminoácidos, disponível GenBank aestiva]), composta por está (www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/944214137) sob código KQK80706.1. Essa sequência, foi publicada em 30 de outubro de 2015 por Wirthlin e colaboradores, como parte do sequenciamento do genoma de um macho adulto da espécie *A. aestiva* (Wirthlin *et al.*, 2018).

#### 5.2.2 Alinhamento Múltiplo de Sequências

A busca por sequências homólogas do receptor CB1 do papagaio-verdadeiro foi realizada no banco de dados GenBank, utilizando a ferramenta BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) integrada ao NCBI. Para identificar estruturas mais próximas à isoforma de CB1 em estudo, foi adotado um critério de exclusão, restringindo a busca a organismos da Ordem *Psittaciformes* (taxid: 9223) e utilizando a opção "blastp" para pesquisar exclusivamente proteínas. Assim, foram recuperadas as nove sequências mais bem pontuadas, com base em demais critérios como cobertura, identidade, similaridade e significância estatística (*e-value*).

Além das nove sequências separadas no BLAST, foram incluídas: (i) a sequência-alvo GenBank: KQK80706.1 e (ii) duas sequências-chave para o modelo estudado: a) "CNR1 protein, partial (*Crypturellus soui*)", GenBank: NWI18239.1, por apresentar a melhor pontuação de similaridade com a proteína-alvo; e b) "cannabinoid receptor 1 (*Homo sapiens*)", GenBank: KAI4019111.1, cuja sequência tem como origem o CB1 humano, proteína resolvida experimentalmente utilizada para validação do modelo e análise subsequente de SBVS. Por fim, as 12 sequências em formato FASTA foram depositadas no *software* MEGA 11, onde foram submetidas a alinhamento múltiplo e comparação, visando identificar possíveis correspondências de aminoácidos na estrutura original.

#### 5.2.3 Modelagem por Homologia e Validação do Modelo

Para a determinação da estrutura tridimensional, a sequência primária foi submetida à plataforma web de modelagem comparativa SWISS-MODEL 2.2.3 (swissmodel.expasy.org). A modelagem foi realizada por homologia, utilizando o alinhamento da sequência alvo com templates de referência, disponibilizados pelo SWISS-MODEL. A busca pelos templates considerou as maiores taxas de cobertura, identidade e similaridade de sequência, parâmetros essenciais para assegurar a confiabilidade do modelo computacional da proteína (Waterhouse et al., 2018).

Para a validação global do modelo, foram empregadas métricas estatísticas e geométricas utilizando ferramentas reconhecidas na área de biologia estrutural. Dentre elas,

destaca-se o *PROCHECK*, disponibilizado pelo UCLA-DOE LAB – SAVES v6.1 (https://saves.mbi.ucla.edu/); além do módulo *Structure Assessment* do SWISS-MODEL (swissmodel.expasy.org/assess). Uma das análises mais relevantes realizadas foi a dos Diagramas de Ramachandran (Ramachandran *et al.*, 1963), que avaliam a conformação dos ângulos diedros φ (phi) e ψ (psi) das cadeias polipeptídicas. Para modelos de alta qualidade, espera-se que mais de 90% dos resíduos estejam localizados nas regiões mais favoráveis do diagrama, o que indica conformação geométrica consistente com padrões observados em proteínas de alta resolução (Shao *et al.*, 2019; Zou *et al.*, 2019).

Além disso, foram analisados o GMQE (Global Model Quality Estimation) e o IDDT (Local Distance Difference Test), métricas amplamente reconhecidas para avaliação quantitativa de modelos proteicos. O GMQE combina parâmetros estruturais e energéticos para estimar a confiabilidade do modelo, sendo esperado que valores acima de 0,6 indiquem alta precisão estrutural (Waterhouse et al., 2024). Já o IDDT avalia a consistência das distâncias locais entre átomos do modelo em comparação com padrões observados ou previstos em estruturas de referência. Valores superiores a 80% para o IDDT são considerados satisfatórios, refletindo a precisão das interações de curto alcance e a conformação local da proteína. A análise do IDDT é frequentemente realizada em conjunto com o QMEANDisCo Global, que oferece uma métrica integrada para a qualidade do modelo em uma escala de 0 a 1. Valores mais altos de IDDT e QMEANDisCo indicam maior conformidade estrutural e confiança na precisão geral do modelo (Waterhouse et al., 2018; Studer et al., 2020).

#### 5.2.4 Construção e Equilíbrio do Sistema de Simulação

Estudos anteriores demonstraram que a assimetria da bicamada lipídica desempenha um papel importante na regulação e atividade dos receptores canabinoides, destacando-se a contribuição de fosfatidiletanolamina (PE), fosfatidilcolina (PC) e colesterol nesse processo (Sarkar *et al.*, 2017; Sejdiu & Tieleman, 2020; Laurella *et al.*, 2023). Com base nessas evidências, foi adotado neste estudo um modelo de bicamada lipídica assimétrica, composto por 1,2-didocosahexaenoil-sn-glicero-3-fosfocolina (DDoPC), um tipo de fosfatidilcolina poli-insaturada com ácido docosa-hexaenoico (22:6), no folheto superior, e por 1,2-didocosahexaenoil-sn-glicero-3-fosfoetanolamina (DDoPE), também contendo ácido graxo 22:6, no folheto inferior, ambos associados ao colesterol (Alberts *et al.*, 2013; Sejdiu & Tieleman, 2020). Esses lipídios são análogos aos ácidos graxos das famílias n-3 e n-6,

reconhecidamente abundantes no tecido neural de psitacídeos (Turner *et al.*, 2005; Hulbert et al., 2010; Montgomery *et al.*, 2012), conferindo maior representatividade biológica ao modelo de membrana utilizado.

O modelo foi construído na plataforma CHARMM-GUI, utilizando o campo de força CHARMM36m, amplamente empregado em estudos de dobramento proteico e modelagem de sistemas multicomponentes e complexos CB1-lipídio (Huang et al., 2016; Isu et al., 2024). O pH do sistema foi ajustado para 7,4, valor aproximado descrito para A. aestiva (Paula et al., 2008), assegurando condições compatíveis com o ambiente biológico do receptor. Além disso, para refletir a funcionalidade nativa de receptores acoplados à proteína G, foram incorporadas modificações pós-traducionais discutidas por Jakubik e El-Fakahany (2021), incluindo a N-glicosilação da asparagina 1, com um oligossacarídeo composto por N-acetil-D-glicosamina, nove resíduos de D-manose e três de D-glicose, e a S-palmitoilação da cisteína 315, mediante adição de ácido palmítico. Essas modificações visaram reforçar a ancoragem do receptor à membrana, promovendo sua estabilização estrutural ao longo das simulações. Detalhes adicionais sobre a construção do sistema encontram-se no **Apêndice B**.

#### 5.2.5 Dinâmica Molecular

As simulações moleculares foram conduzidas seguindo um protocolo multietapas, com o objetivo de assegurar a estabilização do sistema e a obtenção de parâmetros termodinâmicos robustos. Inicialmente, o sistema foi submetido à minimização de energia (método da descida mais íngreme) e, posteriormente, a fases de equilíbrio sob os conjuntos NVT (número de partículas N, volume V e temperatura T) e NPT (número de partículas N, volume V e temperatura T), cada um com duração de cinco nanossegundos (ns). O controle de temperatura foi conduzido com o termostato V-rescale no *ensemble* NVT e com o termostato de Nosé-Hoover no *ensemble* NPT, assegurando estabilidade térmica durante a equilibração (Bussi *et al.*, 2007; Nosé, 1984; Hoover, 1985). A temperatura foi mantida constante em 315 K, com tempo de acoplamento de 0,5 ps nas fases de equilíbrio e 2,0 ps na produção, refletindo a fisiologia de A. aestiva (Greenacre & Lusby, 2004; Paula et al., 2008).

O controle de pressão foi realizado com o barostato de Parrinello-Rahman, um método determinístico que permite variações anisotrópicas de volume com base no formalismo hamiltoniano estendido, sendo aplicado durante o *ensemble* NPT e na simulação de produção (Parrinello & Rahman, 1981; Kim *et al.*, 2023). A pressão foi mantida em 1 bar, com constante

de acoplamento de 5,0 ps na fase de equilibração e 2,0 ps na fase de produção, utilizando acoplamento semi-isotrópico para permitir flutuações independentes nos planos da membrana e no eixo perpendicular. A compressibilidade foi fixada em  $4.5 \times 10^{-5}$  bar<sup>-1</sup>, valor amplamente utilizado em simulações de sistemas heterogêneos compostos por fases aquosas e lipídicas (Sarkar *et al.*, 2017; Dutagaci *et al.*, 2018).

Nesta etapa da DM, a simulação foi conduzida por 500 ns sob condições de contorno periódicas (PBC – Periodic Boundary Conditions), que permitem reproduzir um ambiente contínuo e homogêneo, minimizando os efeitos de borda ao longo da trajetória simulada (Jung et al., 2018). Após a simulação, as PBC foram removidas das trajetórias a fim de corrigir eventuais quebras de moléculas entre as caixas periódicas, prevenindo a ocorrência de artefatos nas análises estruturais subsequentes. Em seguida, as métricas de desvio quadrático médio (RMSD – Root Mean Square Deviation) e desvio quadrático médio por flutuação (RMSF – Root Mean Square Fluctuation) foram aplicadas para avaliar, respectivamente, a estabilidade conformacional e a flexibilidade estrutural da proteína ao longo do tempo simulado (Isu et al., 2024).

Todas as etapas foram realizadas utilizando o pacote GROMACS 2024.3 (Abraham *et al.*, 2015), um pacote de software amplamente utilizado para simular sistemas de membrana acoplada à pressão, com processamento paralelo distribuído no supercomputador *Lovelace*. Durante as fases de equilíbrio e produção, foram utilizados 16 e 128 núcleos de CPU, respectivamente, com ajustes automáticos de desempenho (nstenergy = 100, nstlist = 80, rlist = 1,3, nstcomm = 100), visando à otimização do custo computacional e ao controle eficiente dos parâmetros de vizinhança, fundamentais para a estabilidade da simulação (Kim *et al.*, 2023).

#### 5.2.6 Otimização de Pequenas Moléculas

O banco de dados principal utilizado para os metabólitos secundários avaliados no docking foi o Cannabis Compound Database (cannabisdatabase.ca, acesso em 24 jun. 2024), uma plataforma que integra informações estruturais, funcionais e espectrais de compostos isolados a partir de 115 cultivares de C. sativa. Além de informações químicas detalhadas, o Cannabis Compound Database também contempla dados relacionados a vias de sinalização e possíveis alvos moleculares (Wishart et al., dados não publicados). As substâncias estão organizadas em classes químicas, incluindo canabinoides, terpenos, polifenóis, ésteres, além de metabólitos primários e secundários. A caracterização dos compostos foi realizada por técnicas

analíticas consagradas, como espectrometria de massas em tandem (MS/MS), cromatografía gasosa acoplada à espectrometria de massas (GC-MS) e ressonância magnética nuclear (RMN), com os respectivos espectros disponíveis para consulta e *download*.

Com o objetivo de excluir compostos endógenos primários ou irrelevantes ao escopo do estudo, foram selecionados apenas metabólitos secundários pertencentes às classes de canabinoides, terpenos e polifenóis no banco de dados. A curadoria e o processamento dessas substâncias foram realizados na plataforma KNIME 5.2.3, amplamente utilizada na análise de bibliotecas químicas, o que permitiu a execução automatizada de etapas como remoção de duplicatas, exclusão de sais, adição de hidrogênios, padronização de cargas e conversão dos ligantes para o formato tridimensional (Berthold *et al.*, 2019).

Por fim, com o intuito de ampliar a representatividade dos fitocanabinoides descritos na literatura, foram incorporados 48 substâncias suplementares à base inicial já otimizada. Dentre elas, quatro: "(–)-7R-cannabicourmarone", "(–)-7-hydroxycannabichromane", "(±)-4-acetoxycannabichromene" e "(±)-3"-hydroxy-Δ(4",5")-cannabichromene", foram desenhadas manualmente utilizando a ferramenta MarvinJS (marvinjs-demo.chemaxon.com/latest/demo.html, acesso em 13 dez. 2024), com base em Radwan *et al.* (2009) e Lewis *et al.* (2017). Os demais compostos foram obtidos a partir de outros bancos de dados públicos, sendo 35 provenientes do *PubChem* (pubchem.ncbi.nlm.nih.gov, acesso em 28 set. 2024) e 9 do *CHEMBL* (ebi.ac.uk/chembl/, acesso em 29 set. 2024) tendo como referência a literatura vigente (ElSohly *et al.*, 2017; Radwan *et al.*, 2021; Stryker *et al.*, 2025).

#### 5.2.7 Etapas de Preparação Estrutural Pré-Triagem Virtual

Para a definição precisa do sítio de acoplamento e validação do protocolo de docking molecular, foi empregado o modelo estrutural do receptor canabinoide tipo 1 humano, descrito por Shao e colaboradores (2019). A estrutura tridimensional, obtida por criomicroscopia eletrônica (Cryo-EM) com resolução de 3,36 Å, foi acessada no *Protein Data Bank* (PDB ID: 7WV9). A estrutura analisada compreende as três subunidades da proteína G (i. e. Gα, Gβ e Gγ) associadas à cadeia 'D [auth R]', correspondente ao receptor-alvo, em complexo com os ligantes ZCZ011 e CP55,940. O ligante ZCZ011 encontra-se acomodado em um sítio alostérico localizado entre as hélices transmembrana TM2 e TM4, enquanto o CP55,940 ocupa o sítio ortostérico (ou canônico) no interior do domínio transmembrana do receptor (Shao *et al.*, 2019). O posicionamento do CP55,940 (**Apêndice C**) foi utilizado como referência estrutural para

delimitar o sítio ativo e orientar a análise das poses de ligação dos compostos testados. Além disso, o ligante foi incluído no *ranking* de triagem, servindo como controle positivo e parâmetro comparativo para a avaliação da afinidade e orientação dos fármacos candidatos.

A preparação da estrutura incluiu a remoção dos ligantes, adição de átomos de hidrogênio e ajuste das cargas parciais. O algoritmo genético GOLD 2024.1.0, amplamente reconhecido por sua acurácia na predição de interações receptor-ligante com base em funções de energia e flexibilidade conformacional (Jones *et al.*, 1997), foi selecionado para a triagem virtual.

#### 5.2.8 *Redocking* e Triagem Virtual Baseada na Estrutura (SBVS)

Para a definição dos parâmetros ideais de *docking* molecular, foi conduzida uma etapa de *redocking* utilizando o receptor CB1 humano e o ligante CP55,940 como referência (Shao *et al.*, 2019). Diferentes combinações de funções de pontuação e reavaliação (rescore) foram testadas no algoritmo genético GOLD, incluindo ChemScore, GoldScore, CHEMPLP e ASP (Astex Statistical Potential). Cada função foi aplicada utilizando raios de busca entre 6 Å e 16 Å, com o objetivo de reproduzir com precisão a pose cristalográfica do ligante no sítio ativo, visando à validação do modelo de *docking*.

Com base na combinação de função de escore e raio de busca que melhor reproduziu a orientação experimental do ligante controle CP55,940, foi realizada a triagem virtual de 567 fitocanabinoides, incluindo o próprio CP55,940 como controle positivo. As interações moleculares foram avaliadas no sítio ativo (ortostérico), delimitado por um raio de 10 Å, e visualizadas por meio de diagramas bidimensionais gerados no BIOVIA Discovery Studio (versão 24.1.0.23298). A triagem utilizou as funções de escore ChemScore e ASP, previamente validadas durante o *redocking*. A função ChemScore também foi empregada para estimar as variações da energia livre de Gibbs (ΔG), parâmetro indicativo de afinidade e espontaneidade de ligação (Bissantz *et al.*, 2010; Christ *et al.*, 2010). As interações correspondentes à melhor pose redocada do CP55,940 foram analisadas em detalhe no BIOVIA Discovery Studio e visualizadas em PyMOL (versão 3.1).

## 6. RESULTADOS & DISCUSSÃO

## 6.1 Análise do Alinhamento Múltiplo

Quatro sequências, com 87% de cobertura, apresentaram altas identidades com a sequência-alvo. Dentre elas, destacaram-se espécies como *Neopsephotus bourkii* Gould, 1841 (98,59%), *Lathamus discolor* Lesson, 1830 (98,59%), *Pezoporus wallicus* Kerr, 1792 (98,59%) e *Strigops habroptilus* G. R. Gray, 1845 (97,98%). Em contraste, outras cinco sequências, com 84% de cobertura, demonstraram identidades ligeiramente superiores. Essas correspondências incluem *Amazona guildingii* Vigors, 1837 (99,58%), *Probosciger aterrimus* Gmelin, 1788 (99,37%), *Nestor notabilis* Gould, 1856 (99,15%), *Eolophus roseicapilla* Vieillot, 1817 (99,15%) e *Melopsittacus undulatus* (99,15%). A diferença entre cobertura e identidade indica variações regionais nas sequências. A consistência entre esses dados sugere que as correspondências podem ser isoformas estrutural e funcionalmente semelhantes, reforçando a importância de investigar se essas variações estão ligadas a adaptações funcionais ou à conservação de um núcleo estrutural essencial (Elphick, 2012; Laprairie *et al.*, 2012).

As nove sequências recuperadas em formato FASTA foram analisadas junto às sequências do receptor CB1 do papagaio-verdadeiro (GenBank: KQK80706.1), humano (GenBank: KAI4019111.1) e do tururim (GenBank: NWI18239.1), totalizando 12 sequências. O alinhamento múltiplo (**Figura 8**) revelou uma lacuna na estrutura-alvo (X), sugerindo o aminoácido histidina (His-H) como possível correspondente.

**Figura 8. Resultados do alinhamento múltiplo de sequências com ClustalW.** Legenda: Na coluna "Species/Abbrv", estão o código do *GenBank* e o nome abreviado de cada proteína. os espaços nos códigos (ex. XP 030346217.1) correspondem a *underline* ("\_"). Os asteriscos ("\*") indicam a máxima correspondência dos aminoácidos em cada região alinhada

Species/Abbrv	±	*	*	*	ż	<b>2</b> 1	*	*	*	ż	+	* *	*	*	ż	<b>±</b>	t	ź	*	±		±	ż	<b>2</b> :	2 1	2 2	*
1. KQK80706.1 CNR1 protein Amazona aestiva	1	1	Υ	Α	L	R S	K	D	L	R	X	A F	R	s	М	F	7	С	Ε	G	Т	Α	Q	PI		N	S
2. XP 061225753.1 CNR1 protein Neopsephotus bourkii	1	1	Υ	Α	L	R S	K	D	L	R	н	A F	R	s	М	F	7	С	Е	G	Т	Α	Q	PΙ	LC	N	s
3. XP 065537334.1 CNR1 protein Lathamus discolor	1	1	Υ	Α	L	R S	K	D	L	R	н	A F	R	s	М	F	7	С	Ε	G	Т	Α	Q	P	L	N	s
4. XP 057275960.1 CNR1 protein Pezoporus wallicus	1	1	Υ	Α	L	R S	K	D	L	R	н	A F	R	s	М	F	7	С	Ε	G	т	Α	Q	PΙ	LC	N	s
5. XP 030346217.1 CNR1 protein Strigops habroptilus	1	1	Υ	Α	L	R S	K	D	L	R	н	A F	R	s	М	F	7	С	Е	G	Т	Α	Q	PΙ	LC	N	s
6. NXK80074.1 CNR1 protein Amazona guildingii	1	1	Υ	Α	L	R S	ĸ	D	L	R	н	A F	R	s	М	F	7	С	Ε	G	т	Α	Q	PΙ	LC	N	s
7. NWS38692.1 CNR1 protein Probosciger aterrimus	1	1	Υ	Α	L	R S	K	D	L	R	н	A F	R	s	М	F	7	С	Ε	G	Т	Α	Q	PI		N	s
8. XP 030908548.1 CNR1 protein Melopsittacus undulatus	1	1	Υ	Α	L	R S	K	D	L	R	н	A F	R	s	М	F	7	С	Ε	G	т	Α	Q	PΙ	LC	N	s
9. XP 010011031.1 CNR1 protein Nestor notabilis	1	ī	Υ	Α	L	R S	K	D	L	R	н	A F	R	s	М	F	7	С	Ε	G	Т	Α	Q	PI	L	) N	s
10. NXD67602.1 CNR1 protein Eolophus roseicapilla	1	1	Υ	Α	L	R S	ĸ	D	L	R	н	ΑF	R	s	М	F	7	С	Ε	G	т	Α	Q	PI	LC	N	s
11. KAI4019111.1 CNR1 protein Homo sapiens	1	1	Υ	Α	L	R S	K	D	L	R	н	A F	R	s	М	F	9	С	Ε	G	Т	Α	Q	PI		N	s
12. NWI18239.1 CNR1 protein Crypturellus soui	1	1	Υ	Α	L	R S	ĸ	D	L	R	н	ΑF	R	s	М	F	9 5	С	Е	G	Α	Α	Q	PΙ		N	s

Fonte: Elaborada no MEGA X.

A construção do modelo 3D considerou dois fatores principais: (i) minimizar a variabilidade estrutural para reduzir os custos computacionais e (ii) resolver a lacuna (X) da sequência-alvo. A ênfase foi dada à região central do receptor, com foco nos domínios transmembrana (de TM1 a H8) e nos motivos de atividade molecular bem documentados nessas regiões do receptor CB1 (Shao *et al.*, 2019; Kumar *et al.*, 2019). Como resultado, a estrutura original foi ajustada, com a remoção de 164 resíduos da região N-terminal e 84 da região C-terminal. Essa edição foi essencial para melhorar a qualidade do modelo, concentrando-se nas áreas mais relevantes para a função do receptor (Wu *et al.*, 2022). O arranjo de aminoácidos do receptor CB1 do papagaio-verdadeiro, foi colorido conforme suas características estruturais: básicos em vermelho, ácidos em laranja, hidrofóbicos em azul e polares em rosa.

> Sequência primária: receptor canabinoide tipo-1 (315 aminoácidos) [Amazona aestiva]

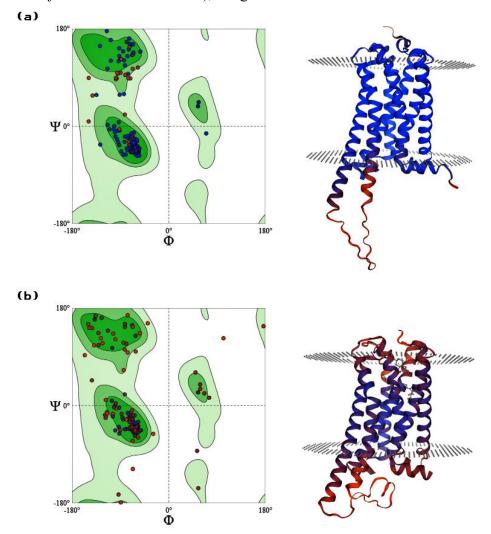
NFMDMECFMILNPSQQLAIAVLSLTLGTFTVLENLLVLCVILHSRSLRCRPSYHFIGSL AVADLLGSVIFVYSFVDFHVFHRKDSPNVFLFKLGGVTASFTASVGSLFLTAIDRYISI HRPLAYKRIVTRPKAVVAFCVMWTIAIVIAVLPLLGWNCKKLNSVCSDIFPLIDETYL MFWIGVTSVLLLFIVYAYMYILWKAHSHAVRMIQRGTQKSIIIHSTEDGKVQITRPDQ TRMDIRLAKTLVLILVVLIICWGPLLAIMVYDVFGKMNKLIKTVFAFCSMLCLLNSTV NPIIYALRSKDLRHAFRSMFPTC

A sequência primária foi carregada no SWISS-MODEL, plataforma que gera modelos 3D a partir de sequências proteicas (Waterhouse *et al.*, 2018). Foram disponibilizados 50 *templates*: 49 com base em dados experimentais (29 por cristalografia de raios-X e 20 por criomicroscopia eletrônica) e um do AlphafoldDB, que utiliza o algoritmo AlphaFold2, conhecido por sua alta precisão (Bertoline *et al.*, 2023). Esse tipo de modelagem tem sido essencial para explorar grandes volumes de dados proteicos e impulsionar o desenvolvimento racional de fármacos (Duran-Frigola *et al.*, 2013; Jumper *et al.*, 2021; Dorn *et al.*, 2014). O modelo do AlphafoldDB (código A0A7K4KPW6\_9AVES, gene: CNR1, organismo: *Crypturellus soui*, ou tururim) foi selecionado como *template* principal por apresentar 99,05% de identidade com a sequência-alvo e um valor GMQE de 0,87, indicando alta confiabilidade para a modelagem estrutural.

Para fins de comparação e validação, utilizou-se a proteína de referência (PDB: 7WV9) como *template* adicional, permitindo modelar uma estrutura complementar e aprofundar a análise do modelo predito. A avaliação estereoquímica pelo *PROCHECK* (Laskowski *et al.*, 1993) indicou melhor desempenho do modelo baseado em aprendizado de máquina: 93,1% dos

resíduos estavam em regiões mais favoráveis, 6,6% em regiões favoráveis, 0,3% em regiões permitidas e nenhum em regiões desfavoráveis. Em contraste, o modelo baseado no CB1 humano experimental apresentou 92,9%, 6,0%, 0,4% e 0,7%, respectivamente. Além disso, o modelo experimental omitiu sete resíduos da sequência de 315 aminoácidos, enquanto o modelo predito incluiu todos. A análise QMEANDisCo Global reforçou a superioridade do modelo gerado por IA, com IDDT = 0,70  $\pm$  0,05, frente ao valor de 0,66  $\pm$  0,05 do modelo experimental. A **Figura 9** ilustra a comparação entre as estruturas, destacando os resíduos nos gráficos de Ramachandran e a coloração por IDDT. Esses resultados evidenciam a alta precisão do AlphaFold2 na modelagem estrutural, comparável a métodos experimentais, como discutido na literatura (Dorn *et al.*, 2014; Jumper *et al.*, 2021; Bertoline *et al.*, 2023).

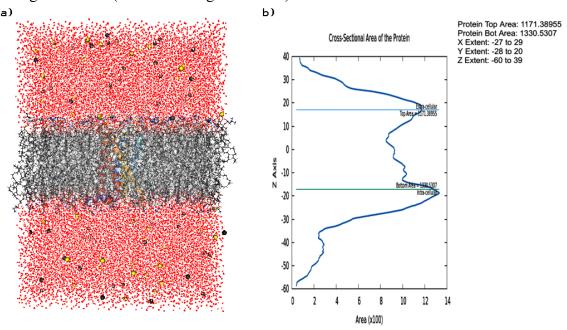
**Figura 9. Validação estrutural do modelo computacional de CB1.** Legenda: (a) Modelo gerado por inteligência artificial; (b) modelo baseado em estrutura experimental (Cryo-EM), ambos coloridos conforme os valores preditos de IDDT. No modelo baseado de Cryo-EM (b), observa-se o ligante CP55,940 no sítio ortostérico e o ZCZ011 em um dos sítios alostéricos (mais detalhes no **Apêndice C**). As malhas de membrana foram adicionadas via banco OPM (*Orientations of Protein in Membranes*), integrado ao SWISS-MODEL.



### 6.3 Preparação e Caracterização do Ambiente de Simulação

O número de lipídios necessário para preencher a célula de simulação foi determinado dividindo-se a área disponível pela área média ocupada por cada molécula, resultando em 128 fosfolipídios DDoPC na camada superior e 140 fosfolipídios de DDoPE na inferior. A **Figura 10** apresenta a montagem da bicamada lipídica obtida por meio do CHARMM-GUI, cuja eficiência e precisão dos algoritmos foram fundamentais para a construção do sistema (Kern *et al.*, 2023). Na direção z (perpendicular ao plano da membrana), a caixa de simulação foi expandida para além das posições extremas dos átomos da proteína, assegurando aproximadamente 22 Å de espaço no folheto superior e 42 Å no inferior (b, Figura 10), este último devido à presença da alça de ligação à proteína G entre as hélices TM5 e TM6 (Isu *et al.*, 2024). Além da proteína e dos lipídios, o sistema foi solvatado com 100.242 moléculas de água do tipo TIP3P, compatível com o campo de força CHARMM36m (Huang *et al.*, 2016). Também foram adicionados 92 íons sódio (Na<sup>+</sup>) e 106 íons cloreto (Cl<sup>-</sup>) para garantir a neutralidade elétrica e uma força iônica próxima das condições fisiológicas.

**Figura 10. Resultados do construtor de membranas.** Legenda: a) Visualização da célula de simulação no "NGL Viewer" do CHARMM-GUI. b) Gráfico da área transversal do sistema, representando a dimensão do receptor CB1 em relação à espessura da bicamada lipídica ao longo do eixo z (valores em angströms – Å).

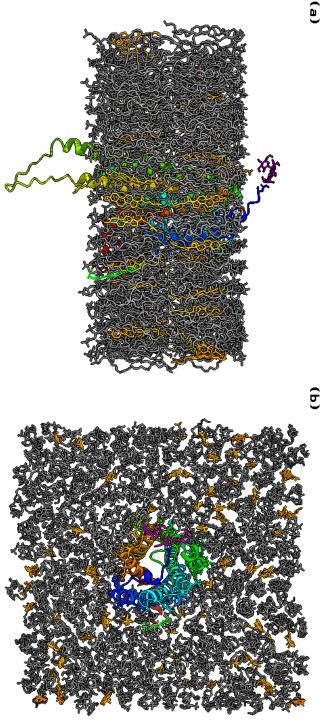


Fonte: Elaborada no CHARMM-GUI.

A membrana foi complementada com 39,03% de colesterol, distribuído de forma quase simétrica entre os folhetos superior (19,49%) e inferior (19,54%), em conformidade com a fração molar máxima na dinâmica de membranas celulares (Takamori *et al.*, 2006; Sarkar *et al.*, 2017; Doktorova *et al.*, 2020). Essa proporção foi adotada para reproduzir parâmetros biofísicos fundamentais, como fluidez, espessura e compactação da membrana, nos quais o colesterol atua como modulador estrutural relevante, especialmente na ativação de GPCRs (Sejdiu & Tieleman, 2020). A **Figura 11** também apresenta as modificações pós-traducionais previstas para o receptor CB1, incluindo a N-glicosilação na região N-terminal e a ancoragem de ácido palmítico (S-palmitoilação) na extremidade C-terminal (Jakubik & El-Fakahany, 2021).

Figura 11. Modelo do complexo proteína-bicamada.

Legenda: O receptor CB1 é representado em uma escala de cores do azul ao vermelho (arcoíris), com o oligossacarídeo ligado à asparagina-1 (N-glicosilação) em magenta. As moléculas de PC/PE (fosfolipídios da bicamada) são mostradas em cinza, o colesterol em laranja e a cauda lipídica na cisteína 315 (S-palmitoilação) em verde-limão. (a) Vista lateral do complexo. (b) Vista superior, mostrando a organização das moléculas na bicamada.

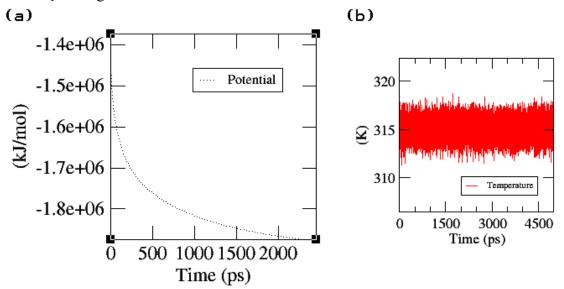


Fonte: Elaborada no ChimeraX.

#### 6.4 Comportamento Conformacional em Dinâmica Molecular

A minimização de energia do sistema foi realizada com o algoritmo de *steepest descent*, amplamente utilizado para alcançar mínimos globais em simulações de dinâmica molecular (Sarkar *et al.*, 2017, Seo *et al.*, 2020). A convergência foi obtida após 2.000 picossegundos (os), com base no potencial de energia (kJ/mol), resultando em uma configuração estável da membrana modelo para as etapas subsequentes. Em seguida, o sistema foi submetido à equilibração térmica visando simular a temperatura corporal média de *A. aestiva*, estimada em 41,8 °C (≈ 315 K) (Paula *et al.*, 2008; Paula *et al.*, 2013). A **Figura 12** compila os gráficos de minimização e equilibração, evidenciando que o sistema atingiu rapidamente a temperatura-alvo e a manteve de forma estável ao longo de 5 ns. Essa estabilidade térmica é essencial para garantir que as flutuações observadas estejam dentro de parâmetros fisiológicos realistas, assegurando a confiabilidade das análises dinâmicas subsequentes (Lynch & Reggio, 2006; Sarkar *et al.*, 2017).

Figura 12. Convergência energética (a) e equilíbrio térmico (b) na fase inicial da simulação. Legenda: K= Kelvin.



Fonte: Elaborada no XMGrace.

Após as etapas de minimização de energia e equilíbrio sob condições de temperatura e pressão constantes, foi conduzida uma simulação de DM com duração de 500 ns. A estabilidade estrutural do receptor CB1, em sua conformação inativa, foi avaliada por meio da análise do desvio quadrático médio (RMSD) do *backbone* (**Gráfico 1**). Ao final da trajetória, as flutuações de RMSD permaneceram abaixo de 0,4 nm, indicando a ausência de rearranjos estruturais

significativos ou perturbações conformacionais durante a simulação (Isu *et al.*, 2024; Deganutti *et al.*, 2025). Valores nessa faixa são considerados indicativos de estabilidade conformacional em estudos com GPCRs incorporados em bicamadas lipídicas, sendo que variações entre 0,6 e 0,8 nm ainda são compatíveis com o estado de enovelamento nativo desses receptores (Shim *et al.*, 2013; Sarkar *et al.*, 2017; Jung *et al.*, 2018).

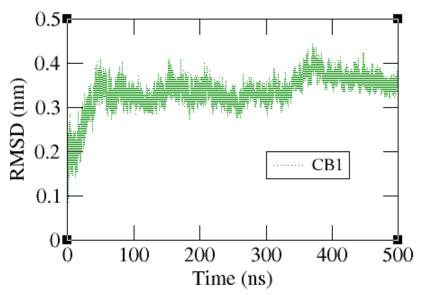


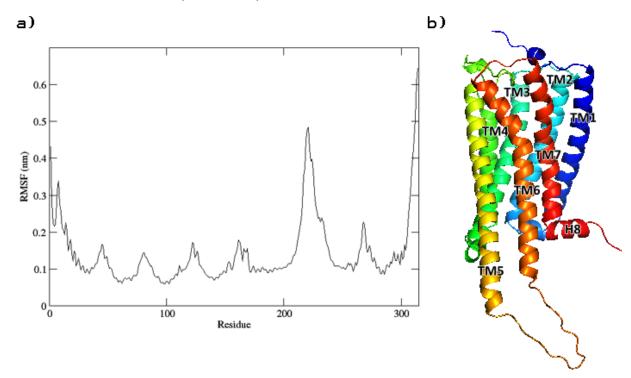
Gráfico 1. Desvio médio do backbone da proteína ao longo de 500 ns de simulação.

Fonte: Elaborado no XMGrace.

A análise da trajetória de 500 ns também incluiu a avaliação da flutuação dos 315 resíduos de aminoácidos do receptor CB1 de *A. aestiva*, por meio do cálculo do desvio quadrático médio por flutuação (RMSF). Os resultados indicaram maior estabilidade nos resíduos mais conservados do receptor, especialmente entre as hélices TM2 e TM5, com flutuações abaixo de 0,2 nm, evidenciando baixa mobilidade nessas regiões, como ilustrado no gráfico "a)" da **Figura 13**. Em contraste com as regiões mais estáveis, algumas porções do receptor apresentaram maior flexibilidade, evidenciando a influência das modificações póstraducionais incluídas neste estudo. A alça N-terminal, por exemplo, exibiu flutuações superiores a 0,4 nm nos resíduos iniciais, coincidindo com o sítio de N-glicosilação na asparagina 1. Já a hélice extracitoplasmática H8, que neste modelo apresenta um ácido palmítico ligado à cisteína 315, mostrou flutuações superiores a 0,6 nm, indicando alta mobilidade ao longo da simulação. Outra região de destaque foi a alça de interação com proteínas G, voltada para o lado citoplasmático e situada entre as hélices TM5 e TM6 (Shim *et al.*, 2013). Essa alça também apresentou flutuações elevadas, especialmente nas regiões da simulação com maior presença de moléculas de água, refletindo sua flexibilidade estrutural

característica. Estudo recente de Isu *et al.* (2024) também relatou alta mobilidade das alças entre TM5 e TM6 e na alça N-terminal do receptor CB1, embora tenha observado menor flutuação na H8 (RMSF < 4 Å = 0,4 nm), contrastando com os valores mais altos aqui obtidos.

Figura 13. Variação da flutuação residual ao longo da simulação de dinâmica. Legenda: a) Gráfico de RMSF (em nanômetros) indicando a mobilidade dos 315 resíduos da proteína; b) Modelo 3D inicial (tempo= 0) do receptor CB1 do papagaio-verdadeiro, destacando as hélices transmembrana (TM1–TM7) e a hélice H8.



Fonte: Elaborada no XMGrace & PyMOL.

## 6.5 Análise de redocking: Interações-chave e Perfis de Ligação

O redocking molecular do ligante sintético CP55,940, localizado no sítio ativo da estrutura de referência (Shao et al., 2019), revelou interações-chave entre o ligante e os resíduos da proteína. A **Figura 14** apresenta os modelos de farmacóforos em 2D e 3D, desenvolvidos a partir da estrutura do receptor CB1 humano (PDB: 7WV9), considerando um raio de 10 Å ao redor do sítio de ligação. São apresentadas as principais contribuições de ligação, com destaque para as múltiplas interações hidrofóbicas (alquil e pi-alquil), forças de van der Waals e pontes convencionais de hidrogênio. As interações observadas envolveram o canabinoide sintético CP55,940 e aminoácidos fundamentais para a estabilização de ligantes no sítio ativo, como no

caso da mutuação com PHE200 (isto é, F200<sup>3.36</sup>) – denominado F100<sup>3.36</sup> no modelo gerado para *A. aestiva* (Shao *et al.*, 2019; Kumar *et al.*, 2019; Wu *et al.*, 2022).

Figura 14. Resultados de *redocking* molecular das referências (PDB: 7WV9 & CP55,940). Legenda: R= cadeia R (CB1) do complexo com a proteína G.

Fonte: Elaborada no BIOVIA Discovery Studio.

Após o *redocking* e a escolha da melhor pose de ligação, os fitocanabinoides passaram por uma filtragem criteriosa usando ferramentas de mineração no *software* KNIME (Berthold *et al.*, 2019). Essa etapa foi fundamental para eliminar estruturas químicas incompatíveis com os metabólitos secundários identificados nas análises cromatográficas, aumentando a qualidade e a relevância do conjunto final. O banco inicial continha 6.220 compostos, incluindo ácidos orgânicos, carboidratos, subprodutos da combustão, aminoácidos e sais, muitos deles fora do escopo do estudo. Após a etapa de filtragem, foram avaliados 567 metabólitos secundários, número bastante próximo aos 565 fitocanabinoides já descritos na literatura (ElSohly *et al.*, 2017; Lewis *et al.*, 2017), o que conferiu à análise maior representatividade e abrangência do espaço químico.

#### 6.6 Docking Molecular

A triagem virtual, realizada por meio do algoritmo genético do software GOLD, configurado com a função de pontuação ChemScore, fundamentada nos valores da energia livre de Gibbs (ΔG) permitiu selecionar, dentre 567 fitocanabinoides mais o ligante CP55,940, os dez

ligantes com maior afinidade teórica pelo receptor CB1 de A. aestiva (**Quadro 1**). Bioativos com valores negativos de  $\Delta G$  são considerados promissores, por indicarem maior espontaneidade na ligação (Bissantz et~al., 2010; Christ et~al., 2010).

Quadro 1. Ranking dos 10 fitocanabinoides com maior afinidade espontânea ao CB1 de Amazona aestiva.

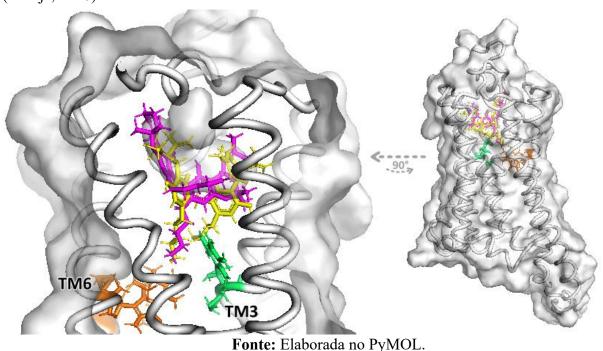
Posição# Código	Nome comum (inglês)	Estrutura 2D	ΔG
1# CDB000774	Cannabisin O	HO HO OH	-108.83
2# CDB056	Cannabitwinol	DH OH OH	-99.16
3# CDB01	Cannabisol	OH HO HIBUTA	-91.80
<b>4</b> # CDB005226	Solanesyl diphosphate		-85.43

<b>5#</b> CDB19	α-cadinyl can- nabigerolate	HO OH	-81.27
<b>6</b> # CDB000772	Cannabisin M	но он	-78.88
7# CDB000346	Xanthophyll	HOW HO	-74.66
<b>8</b> # CDB000345	Carotene		-74.66
<b>9#</b> CDB004889	(S)-2,3- epoxysqualene		-72.47
<b>10#</b> CDB000771	Cannabisin F	HO HO OH	-72.16

Os resultados de *docking* confirmaram a eficácia do algoritmo genético na predição da afinidade de compostos pelo sítio ortostérico do receptor CB1, incluindo moléculas com atividade previamente descrita. Dentre estes fitocanabinoides, duas substâncias se destacaram. O

canabisol (THCD)<sup>3</sup>, conhecido por sua elevada potência sobre o CB1, ocupou a terceira posição no *ranking* de afinidade (Zulfiqar *et al.*, 2012). Já o canabitwinol (CBDD), embora menos investigado e anteriormente associado à seletividade por receptores TRP envolvidos na termorregulação (Chianese *et al.*, 2020), apresentou a segunda maior afinidade com o CB1. A seleção de substâncias já descritas na literatura evidenciou a eficiência do algoritmo na predição de ligantes, reforçando seu potencial para validação experimental. Além disso, a semelhança estrutural entre CBDD e THCD, aliada ao desempenho de ligação comparável (**Figura 15**), sugerem uma possível analogia farmacofórica e um perfil de atividade bivalente para o CBDD, ampliando as hipóteses sobre seus mecanismos de ação (Shete *et al.*, 2024; Stryker *et al.*, 2025).

Figura 15. Melhores poses de ligação do THCD e CBDD no sítio ortostérico de CB1. Legenda: canabisol (magenta), cannabitwinol (amarelo), F100<sup>3.36</sup> (verde ciano, TM3) W256<sup>6.48</sup> (laranja, TM6).



Outros compostos naturais também apresentaram destaque nas simulações de *docking* com o receptor CB1. Entre eles, ressalta-se o canabinoide miscelâneo 'α-cadinil canabigerolato', isolado de uma variedade de *C. sativa* de alta potência, cujas propriedades farmacológicas ainda não foram completamente elucidadas (Ahmed *et al.*, 2008). A substância 'solanesil difosfato', derivado do solanesol, ocupou a quarta posição no *ranking* de afinidade de ligação. Já

<sup>&</sup>lt;sup>3</sup> Descrito por Zulfiqar *et al.* (2012), o canabisol é um dímero composto por duas moléculas de  $\Delta^9$ -THC, unidas por uma ponte metileno. De modo análogo, o canabitwinol corresponde a um dímero constituído por duas moléculas de CBD, conforme relatado por Chianese *et al.* (2020).

o triterpeno '(S)-2,3-epoxiesqualeno', assim como outros precursores terpenoides, tem sido associado à atividade contra o câncer, além de potencial uso em doenças neurodegenerativas (Lewis *et al.*, 2017; Liu *et al.*, 2024). Além disso, os carotenoides 'caroteno' e 'xantofila', conhecidos por seu papel antioxidante (Miller *et al.*, 1996), também mostraram interações relevantes com o sítio ortostérico do CB1.

Além dos ligantes supracitados, diversas canabisinas se destacaram, especialmente as dez variantes avaliadas (O, M, F, E, D, G, N, C, B e A, respectivamente), que apresentaram elevada propensão de acoplamento ao receptor CB1, superando até mesmo o desempenho do ligante de referência CP55,940 (vide **Apêndice A**). Muitas dessas canabisinas são majoritariamente encontradas nas sementes de *C. sativa* (Smeds *et al.*, 2012; Pollastro *et al.*, 2018). De forma notável, outro estudo de *docking* molecular apontou a canabisina M como potente inibidor da glicoproteína-P, com elevada energia de ligação e possíveis implicações na modulação da resistência a fármacos (Kazemi *et al.*, 2021). Apesar da baixa solubilidade em água, decorrente de seu caráter neutro e lipofílico, as canabisinas e outras lignanamidas apresentam importantes atividades biológicas, incluindo efeitos anti-inflamatórios, antioxidantes e inibição da acetilcolinesterase (Ahmed *et al.*, 2015; Yan *et al.*, 2015; Kamle *et al.*, 2024).

Além do interesse farmacológico, as sementes de *Cannabis* têm sido estudadas como ingrediente funcional na alimentação animal, devido à sua composição rica em proteínas digestíveis, vitaminas, minerais e ácidos graxos PUFA (Kamle *et al.*, 2024). Formulações de rações para aves contendo derivados das sementes, particularmente ricas em canabisinas e outras lignanamidas, demonstraram efeitos promissores em galinhas poedeiras e frangos de corte. Essas formulações representam uma alternativa nutricional e ambientalmente sustentável, com potencial para contribuir diretamente para a saúde aviária (Neijat *et al.*, 2016; Tignani *et al.*, 2024; Ritter *et al.*, 2020).

Em síntese, assim como observado nas estruturas complexas do THCD e do CBDD, as características estruturais e a acessibilidade estérica dos fitocanabinoides influenciam diretamente sua afinidade pelo receptor CB1, afetando tanto a viabilidade de acomodação no sítio ortostérico quanto a estabilidade da interação (Bow & Rimoldi, 2016; Zulfiqar *et al.*, 2012). Compostos com cadeias laterais mais longas, como o  $\Delta^9$ -tetrahidrocanabiforol ( $\Delta^9$ -THCP) e o canabidiforol (CBDP), ambos com cadeia heptílica, apresentaram maior afinidade de ligação em comparação ao  $\Delta^9$ -THC, que possui uma cadeia pentílica (Citti *et al.*, 2019; Lee *et al.*, 2020).

No modelo computacional de A. aestiva, essa superioridade foi refletida nos valores de  $\Delta G$  e no desempenho nas simulações de docking, conforme demonstrado no **Quadro 2**. Esses resultados reforçam a importância das modificações estruturais na seletividade e potência dos ligantes para o CB1.

Quadro 2. Ranqueamento da espontaneidade putativa de ligação dos fitocanabinoides  $\Delta$ <sup>9</sup>-THCP, CBDP,  $\Delta$ <sup>9</sup>-THC e CBD ao receptor CB1 de *Amazona aestiva*.

Posição# Có- digo	Nome comum	Estrutura 2D	$\Delta G$
<b>69</b> # CDB03	Δ <sup>9</sup> -tetrahidroca- nabiforol	OH OH	-53.35
<b>106</b> # CDB04	Canabidiforol	OH THINNING THE PARTY OF THE PA	-49.16
116# CDB000001	Δ <sup>9</sup> -tetrahidroca- nabinol	The state of the s	-47.79
156# CDB000002	Canabidiol	OH OH	-44.33

A listagem completa dos ligantes testados, que inclui o canabinoide sintético de referência (CP55,940) e os fitocanabinoides (n = 567), encontra-se disponível no **Apêndice A**, com os respectivos valores de  $\Delta G$  ordenados de forma decrescente.

## 7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este estudo reforça a importância das abordagens *in silico* na investigação das interações moleculares e da estabilidade do receptor canabinoide CB1, considerado um alvo promissor para o desenvolvimento de novas estratégias farmacológicas. Nesse contexto, os metabólitos secundários de *C. sativa*, notáveis por sua complexidade estrutural, revelaram destaque para dez variantes de canabisinas (O, M, F, E, D, G, N, C, B e A), que apresentaram desempenho superior ao do agonista de referência CP55,940. De modo semelhante, o canabisol (composto já reconhecido por sua seletividade ao CB1) também se destacou nas análises, reforçando a robustez preditiva do algoritmo genético. Notavelmente, o canabitwinol, dímero do CBD previamente associado à modulação de receptores TRP envolvidos na termorregulação, apresentou elevada espontaneidade de ligação ao CB1, abrindo perspectivas para hipóteses quanto a um possível perfil de atividade bivalente nesse receptor.

Em síntese, a combinação entre elevada afinidade e espontaneidade de ligação reforça o potencial farmacológico seletivo desses compostos frente ao receptor CB1 de *A. aestiva*. À luz dos resultados apresentados, este trabalho oferece subsídios para futuros ensaios experimentais em aves silvestres, com vistas à validação das predições teóricas. De forma mais abrangente, o estudo contribui para ampliar o conhecimento sobre fitocanabinoides com potencial de atuação como ligantes ainda pouco explorados, evidenciando o papel estratégico da biotecnologia no avanço da medicina personalizada.

## 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abraham, M, J.; Murtola, T.; Schulz, R.; Páll, S.; Smith, J, C.; Hess, B.; Lindahl, L. GROMACS: High performance molecular simulations through multi-level parallelism from laptops to supercomputers. SoftwareX, 2015.

Ahmed, S, A.; Ross, S, A.; Slade, D.; Radwan, M, M.; Zulfiqar, F.; Matsumoto, R, R.; Xu, Y-T.; Viard, E.; Speth, R, C.; Karamyan, V, T.; Ehsohly, L, A. Cannabinoid ester constituents from high-potency *Cannabis sativa*. Journal of Natural Products, 2008.

Ahmed, S, A.; Ross, S, A.; Slade, D.; Radwan, M, M.; Zulfiqar, F.; Matsumoto, R, R.; Xu, Y-T.; Viard, E.; Speth, R, C.; Karamyan, V, T.; Ahmed, S, A.; Ross, S, A.; Slade, D.; Radwan, M, M.; Khan, I, A.; Elsohly, M, A. **Minor oxygenated cannabinoids from high potency** *Cannabis sativa* L. Phytochemistry, 2015.

Alberts, B.; Hopkin, K.; Johnson, A.; Morgan, D.; Raff, M.; Roberts, K.; Walter, P. Essential Cell Biology – 4<sup>TH</sup> Edition. WW Norton & Company, 2013.

Almeida, C, F.; Palmeira, A.; Valente, M, J.; Correia-Da-Silva, G.; Vinggaard, A, M.; Sousa, M, E.; Teixeira, N.; Amaral, C. Molecular Targets of Minor Cannabinoids in Breast Cancer: *In Silico* and *In Vitro* Studies. Pharmaceuticals, 2024.

Alonso-Ferrero, M, E.; Paniagua, M, A.; Mostany, R.; Pilar-Cuéllar, F.; Díez-Alarcia, R.; Pazos, A.; Fernández-López, A. Cannabinoid system in the budgerigar brain. Brain Research, 2006.

Alvarez, L, D.; Alves, N, R, C. Molecular determinants of tetrahydrocannabinol binding to the glycine receptor. Proteins: Structure-Function-Bioinformatics, 2023.

Anderson, L. Leaf variation among *Cannabis* species from a controlled garden. Harvard University Botanical Museum Leaflets, 1980.

Andre, M, C.; Hausman, J-F.; Guerriero, G. *Cannabis sativa*: The Plant of the Thousand and One Molecules. Frontiers in Plant Science, 2016.

Ballesteros, J, A.; Weinstein, H. Integrated methods for the construction of three-dimensional models and computational probing of structure-function relations in G protein-coupled receptors. In: Receptor Molecular Biology, Methods in Neurosciences. Sealfon, S, C. (editor), Academic Press, 1995.

Berman, P.; Sulimani, L.; Gelfand, A.; Amsalem, K.; Lewitus, G, M.; Meiri, D. Cannabinoidomics – An analytical approach to understand the effect of medical Cannabis treatment on the endocannabinoid metabolome. Talanta, 2020.

Berendsen, H, J, C.; Postma, J, P, M.; Van Gunsteren, W, F.; Dinola, A.; Haak, J, R. **Molecular dynamics with coupling to an external bath.** The Journal of Chemical Physics, 1984.

Bernetti, M.; Bussi, G. Pressure control using stochastic cell rescaling. The Journal of Chemical Physics, 2020.

Berthold, M, R.; Cebron, N.; Dill, F.; Gabriel, T, R.; Kötter, T.; Meinl, T.; Ohl, P.; Thiel, K.; Wiswedel, B. **KNIME - the Konstanz Information Miner: Version 2.0 and Beyond.** ACM SIGKDD Explorations Newsletter, 2009.

Bertoline, L, M, F.; Lima, A, N.; Krieger, J, E.; Teixeira, S, K. Before and after AlphaFold2: An overview of protein structure prediction. Frontiers in Bioinformatics, 2023.

Bissantz, C.; Kuhn, B.; Stahl, M. A Medicinal Chemist's Guide to Molecular Interactions. Journal of Medicinal Chemistry Perspective, 2010.

Bhattacharjee, A.; Hossain, M, U.; Chowdhury, Z, M.; Rahman, S, M, A.; Bhuyan, Z, A.; Salimullah, M.; Keya, C, A. **Insight of druggable cannabinoids against estrogen receptor β** in breast cancer. Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, 2021.

Bow, E, W.; Rimoldi, J, M. The Structure-Function Relationships of Classical Cannabinoids: CB1/CB2 Modulation. Perspectives in Medicinal Chemistry, 2016.

Brown, B. Cannabis: A ilegalização da maconha nos Estados Unidos. Editora Mino, 2019.

Burgio, K, R.; Davis, K, E.; Dreiss, L, M.; Cisneros, L, M.; Klingbeil, B, T.; Presley, S, J.; Willig, M, R. Phylogenetic supertree and functional trait database for all extant parrots. Data in Brief, 2019.

Bussi, G.; Donadio, D.; Parrinello, M. Canonical sampling through velocity rescaling. Journal of Chemical Physics, 2007.

Busquets-Garcia, A.; Bains, J.; Marsicano, G. CB1 Receptor Signaling in the Brain: Extracting Specificity from Ubiquity. Neuropsychopharmacology, 2018.

Calhoon, E, A.; Jimenez, A, G.; Harper, J, M.; Jurkowitz, M, S.; Williams, J, B. Linkages between Mitochondrial Lipids and Life History in Temperate and Tropical Birds. Physiological and Biochemical Zoology, 2014.

Carpenter, J, W.; Tully, T, N.; Rockwell, K.; Kukanich, B. Pharmacokinetics of Cannabidiol in the Hispaniolan Amazon Parrot (*Amazona ventralis*). BioOne, 2022.

Carril, J.; Tambussi, C, P.; Degrange, F, J.; Saldivar, M, J, B.; Picasso, M, B, J. Comparative brain morphology of Neotropical parrots (Aves, Psittaciformes) inferred from virtual 3D endocasts. Journal of Anatomy, 2015.

Cavasotto, C, N (editor). *In silico* **Drug Discovery and Design: Theory, Methods, Challenges, and Applications.** CRC Press, Boca Raton - Florida, 2017.

Carvalho, P, E, R. **Espécies arbóreas brasileiras**. 1ª edição — Colombo (PR). Embrapa Florestas, 2008.

Citti, C.; Linciano, P.; Russo, F.; Luongo, L.; Iannotta, M.; Maione, S.; Laganà, A.; Capriotti, A, L.; Forni, F.; Vandelli, M, A.; Gigli, G.; Cannazza, G. A novel phytocannabinoid isolated from *Cannabis sativa* L. with an *in vivo* cannabimimetic activity higher than  $\Delta^9$ -tetrahydrocannabinol:  $\Delta^9$ -Tetrahydrocannabiphorol. Scientific Reports, 2019.

Chemaxon. MarvinJS. Versão 24.3.0. EUA: ChemAxon Ltd., 2023. Disponível em: https://marvinjs-demo.chemaxon.com/latest/demo.html. Acesso em: 13 dez. 2024.

Chianese, G.; Lopatriello, A.; Schiano-Moriello, A.; Caprioglio, D.; Mattoteia, D.; Benetti, E.; Ciceri, D.; Arnoldi, L.; De Combarieu, E.; Vitale, R, M.; Amodeo, P.; Appendino, G.; De Petrocellis, L.; Taglialatela-Scafati, O. Cannabitwinol, a Dimeric Phytocannabinoid from Hemp, *Cannabis sativa* L., Is a Selective Thermo-TRP Modulator. Journal of Natural Products, 2020.

Christ, C, D.; Mark, A, E.; Van Gunsteren, W, F. **Basic ingredients of free energy calculations: a review.** Journal of Computational Chemistry, 2010.

Collar, N.; Kirwan, G, M.; Boesman, P. **Turquoise-fronted Amazon** (*Amazona aestiva*), versão 1.0, 2020. Em: "Birds of the World" (J. DEL HOYO, A.; ELLIOTT, J.; SARGATAL, D. CHRISTIE, A. e DE JUANA, E. (editores). Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, NY, USA. Disponível em: https://www.hbw.com/node/54749. Acesso em: 12 nov. 2024.

Cooray, R.; Gupta, V.; Suphioglu, C. Current Aspects of the Endocannabinoid System and Targeted THC and CBD Phytocannabinoids as Potential Therapeutics for Parkinson's and Alzheimer's Diseases: a Review. Molecular Neurobiology, 2020.

Croqg, M-A. **History of Cannabis and the endocannabinoid system**. Dialogues in Clinical Neuroscience, 2020.

Deganutti, G.; Pipitò, L.; Rujan, R, M.; Weizmann, T.; Griffin, P.; Ciancetta, A.; Moro, S.; Reynolds, C, A. Hidden GPCR structural transitions addressed by multiple walker supervised molecular dynamics (mwSuMD). Structural Biology and Molecular Biophysics, 2025.

Grespan, A.; Raso, T, F. Capítulo 28 – Psittaciformes (Araras, Papagaios, Periquitos, Calopsitas e Cacatuas). Em: Tratado de Animais Selvagens – Medicina Veterinária, 2ª edição. CUBAS, Z, S.; SILVA, J, C, R.; CATÃO-DIAS, J, L. (editores). Editora Roca, 2014.

Dawidowicz, A, L.; Olszowy-Tomczyk, M.; Typek, R. CBG, CBD, Δ9-THC, CBN, CBGA, CBDA and Δ9-THCA as antioxidant agents and their intervention abilities in antioxidant action. Fitoterapia, 2021.

Dassault Sintèmes. **BIOVIA Discovery Studio.** Versão v.24.1.0.23298. San Diego, 2023. Disponível em: https://www.3ds.com/products-services/discovery-studio/. Acesso em: 6 jan. 2025.

Delano, W, L. The PyMOL Molecular Graphics System. Delano Scientific, San Carlos, 2002.

De Petrocelis, L.; Vellani, V.; Schiano-Moriello, A.; Marini, P.; Magherini, P, C.; Orlando, P.; Di Marzo, V. Plant-derived cannabinoids modulate the activity of transient receptor potential channels of ankyrin type-1 and melastatin type-8. Journal of Pharmacology and Experimental Therapeutics, 2008.

De Petrocelis, L.; Orlando, A.; Schiano Moriello, G.; Aviello, C.; Stott, A, A.; Di Marzo, V. Cannabinoid actions at TRPV channels: effects on TRPV3 and TRPV4 and their potential relevance to gastrointestinal inflammation. Acta Physiologica, 2011.

Di Marzo, V. The endocannabinoidome as a substrate for noneuphoric phytocannabinoid action and gut microbiome dysfunction in neuropsychiatric disorders. Dialogues in Clinical Neuroscience, 2020.

Di Marzo, V.; Piscitelli, F. The Endocannabinoid System and its Modulation by Phytocannabinoids. Neurotherapeutics, 2015.

Di Marzo, V. Wang, J. The Endocannabinoidome: The World of Endocannabinoids and Related Mediators. Academic Press, 2014.

Di Salvo, A.; Chiaradia, E.; Sforna, M.; Della Roca, G. Endocannabinoid system and phytocannabinoids in the main species of veterinary interest: a comparative review. Veterinary Research Communications, 2024.

Dívin, D.; Samblas, M, G.; Veetil, N, K.; Voukali, E.; Świderská, Z.; Krajzingrová, T.; Těšický, M.; Beneš, V.; Elleder, D.; Bartoš, O.; Vinkler, M. Cannabinoid receptor 2 evolutionary gene loss makes parrots more susceptible to neuroinflammation. Proceedings of the Royal Society B, 2022.

Docampo-Palcios, M.; Ramirez, G.; Tesfatsion, T.; Pittiglio, M.; Ray, K.; Cruces, W. **Decoding** the Molecular Dance: *In Silico* Exploration of Cannabinoid Interactions with Key Protein Targets for Therapeutic Insights. ChemRxiv, 2024.

Doktorova, M.; Simons, J, L.; Levental, I. Structural and functional consequences of reversible lipid asymmetry in living membranes. Nature Chemical Biology, 2020.

Dorn, M.; Silva, M, B.; Buriol, L, S.; Lamb, L, C. Three-dimensional protein structure prediction: Methods and computational strategies. Computational Biology and Chemistry, 2014.

Duran-Frigola, M.; Mosca, E.; Aloy, P. Structural Systems Pharmacology: The Role of 3D Structures in Next-Generation Drug Development. Chemistry & Biology, 2013.

Dutagaci, B.; Heo, L.; Feig, M. Structure refinement of membrane proteins via molecular dynamics simulations. Proteins: Structure-Function-Bioinformatics, 2018.

Ehsohly, L, A. Cannabinoid ester constituents from high-potency *Cannabis sativa*. Journal of Natural Products, 2008.

Elsohly, M.; Gul, W. Chapter 1: Constituents of *Cannabis sativa*. In PERTWEE, R, G. (editor). Handbook of Cannabis. Oxford University Press, 2014.

Elsohly, M.; Radwan, M, M.; Gul, W.; Chandra, S.; Galal, A. **Phytochemistry of** *Cannabis sativa* L.. In: Kinghorn, A, D.; Falk, H.; Gibbons, S.; Kobayashi, J. (editors). Phytocannabinoids: Unraveling the Complex Chemistry and Pharmacology of *Cannabis sativa*. Progress in the Chemistry of Organic Natural Products, volume 103. Springer, 2017.

Elphick, M, R.; Egertová, M. Cannabinoid Receptor Genetics and Evolution. In: The Cannabinoid Receptors. REGGIO, P, H. (editor). Humana Press, 2009.

Elphick, M, R. The evolution and comparative neurobiology of endocannabinoid signalling. Philosophical Transactions of the Royal Society B, 2012.

Encinas-Nagel, N.; Enderlein, D.; Piepenbring, A.; Herden, C.; Heffels-Redmann, U.; Felippe, P, A.; Arns, C.; Hafez, H, M.; Lierz, M. Avian bornavirus in free-ranging psittacine birds, Brazil. Emerging Infectious Disease, 2014.

Erridge, S.; Mangal, N.; Salazar, O.; Pacchetti, B.; Sodergren, M, H. Cannflavins – From plant to patient: A scoping review. Fitoterapia, 2020

Faillace, A, C, L.; Vieira, K, R, A.; Santana, M, I, S. Computed tomographic and gross anatomy of the head of the blue-fronted Amazon parrot (*Amazona aestiva*). Anatomia, Histologia, Embryologia, 2020.

Fanovich, M, A.; Churio, M, S.; Ramirez, C, L. Chapter Two - Medicinal Cannabis: Pharmaceutical forms and recent analytical methodologies. In: Analysis of *Cannabis* - Comprehensive Analytical Chemistry. FERRER, E.; THURMAN, E, M. (editors): Volume 90, Elsevier, 2020.

Fordjour, E.; Manful, C, F.; Sey, A, A.; Javed, R.; Pham, T, H.; Thomas, R.; Cheema, M. *Cannabis*: a multifaceted plant with endless potentials. Frontiers in Pharmacology, 2023.

Goddard, T, D.; Huang, C, C.; Meng, E, C.; Pettersen, E, F.; Couch, G, S.; Morris, J, H.; Ferrin, T, E. **UCSF ChimeraX: Meeting modern challenges in visualization and analysis.** Protein Science, 2018.

Godinho, L.; Marinho, Y.; Bezerra, B. Performance of blue-fronted amazon parrots (Amazona aestiva) when solving the pebbles-and-seeds and multi-access-box paradigms: ex situ and in situ experiments. Animal Cognition, 2020.

Greenacre, C, B.; Lusby, A, L. Physiologic Responses of Amazon Parrots (Amazona species) to Manual Restraint. Journal of Avian Medicine and Surgery, 2004.

Guan, X. Genomic and biochemical analysis of oxidative stress in birds with diverse longevities. Dissertation – Polytechnic Institute and State University of Virginia, 2007.

Gutiérrez-Ibáñez, C.; Iwaniuk, A, N.; Wylie, D, R. Parrots have evolved a primate-like telencephalic-midbrain-cerebellar circuit. Scientific Reports, 2018.

Hartsel, J, A.; Boyar, K.; Pham, A.; Silver, R, J.; Makriyannis, A. Cannabis in Veterinary Medicine: Cannabinoid Therapies for Animals. In: Nutraceuticals in Veterinary Medicine. Gupta, R.; Srivastava, A.; Lall, R. (editors). Springer International Publishing, 2019.

Hazzah, T.; Andre, C.; Richter, G.; Mcgrath, S. Cannabis in Veterinary Medicine: A Critical Review. Journal of the American Holistic Veterinary Medical Association, 2020.

Herkenham, M.; Lynn, A, B.; Johnson, M, R.; Melvin, L, S.; De Costa, B, R.; Rice, K, C. Cannabinoid receptor localization in brain. Proceedings of the National Academy of Sciences, 1990.

Herrera, M.; Hennessey, B. Quantifying the illegal parrot trade in Santa Cruz de la Sierra, Bolivia, with emphasis on threatened species. Bird Conservation International, 2007.

Hoover, W, G. Canonical dynamics: Equilibrium phase-space distributions. Physical Review Journals, 1985.

Howlett, A, C.; Blume, L, C.; Dalton, G, D. CB(1) Cannabinoid Receptors and Their Associated Proteins. Current Medicinal Chemistry, 2010.

Hu, S, S, J., Mackie, K. Distribution of the Endocannabinoid System in the Central Nervous System. In: Endocannabinoids, Handbook of Experimental Pharmacology. Pertwee, R. (editor), Springer, 2015.

Huang, J.; Rauscher, S.; Nawrocki, G.; Ran, T.; Feig, M.; de Groot, B, L.; Grubmüller, H.; MacKerell-Jr, A, D. **CHARMM36m: an improved force field for folded and intrinsically disordered proteins.** Nature Methods, 2016.

Hulbert, A, J.; Trzcionka, M.; Buttemer, W, A. In: Pamplona, R.; Barja, G. (editor). Longevity, Mitochondria and Oxygen free radicals. **Membrane fatty acid composition and longevity of mammals and birds.** Research Signpost, 2010.

Hurst, D, P.; Garai, S.; Kulkarni, P, M.; Schaffer, P, C.; Reggio, P, H.; Thakur, G, A. Identification of CB1 Receptor Allosteric Sites Using Force-Biased MMC Simulated Annealing and Validation by Structure-Activity Relationship Studies. ACS Medicinal Chemistry Letters Journal, 2019.

Isu, U, H.; Polasa, A.; Moradi, M. Differential Behavior of Conformational Dynamics in Active and Inactive States of Cannabinoid Receptor 1. The Journal of Physical Chemistry B, 2024.

Jakubik, J.; El-Fakahany, E. Allosteric Modulation of GPCRs of Class A by Cholesterol. International Journal of Molecular Sciences, 2021.

Jin, D.; Dai, K.; Xie, Z.; Chen, J. Secondary Metabolites Profiled in *Cannabis* Inflorescences, Leaves, Stem Barks, and Roots for Medicinal Purposes. Scientific Reports, 2020.

Jones, G.; Willett, P.; Glen, R, C.; Leach, A, R.; Taylor, R. **Development and validation of a genetic algorithm for flexible docking.** Journal of Molecular Biology, 1997.

Jumper, J.; Evans, R.; Pritzel, A.; Green, T.; Figurnov, M.; Ronneberger, O.; Tunyasuvunakool, K.; Bates, R.; Žídek, A.; Potapenko, A.; Bridgland, A.; Meyer, C.; Kohl, S, A, A.; Ballard, A, J.; Cowie, A.; Romera-Paredes, B.; Nikolov, S.; Jain, R.; Adler, J.; Back, T.; Petersen, S.; Reiman, D.; Clancy, E.; Zielinski, M.; Steinegger, M.; Pacholska, M.; Berghammer, T.; Bodenstein, S.; Silver, D.; Vinyals, O.; Senior, A, W.; Kavukcuoglu, K.; Kohli, P.; Hassabis; D. **Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold.** Nature, 2021.

Jung, S, W.; Cho, A, E.; Yu, W. Exploring the Ligand Efficacy of Cannabinoid Receptor 1 (CB1) using Molecular Dynamics Simulations. Sientific Reports, 2018.

Kamle, M.; Mahato, D, K.; Sharma, B.; Gupta, A.; Shah, A, K.; Mahmud, M, M, C.; Agrawal, S.; Singh, J.; Rasane, P.; Shukla, A, C.; Kumar, P. Nutraceutical potential, phytochemistry of hemp seed (*Cannabis sativa* L.) and its application in food and feed: A review. Food Chemistry Advances, 2024.

Kaplan, G. **Psittacine Cognition.** In: Encyclopedia of Animal Cognition and Behavior. Vonk, J.; Shackelford, T. (editors). Springer, 2021.

Kazemi, F.; Karimi, I.; Yousofvan, N. Molecular docking study of lignanamides from *Cannabis sativa* against P-glycoprotein. In silico Pharmacology, 2021.

Kendall, D, A.; Yudowski, G, A. Cannabinoid Receptors in the Central Nervous System: Their Signaling and Roles in Disease. Frontiers in Cellular Neuroscience, 2017.

Kern, N, R.; Lee, J.; Choi, Y, K.; Im, W. CHARMM-GUI Multicomponent Assembler for Modeling and Simulation of Complex Multicomponent Systems. bioRxiv, 2023.

Kim, H.; Fábián, B.; Hummer, G. Neighbor List Artifacts in Molecular Dynamics Simulations. Journal of Chemical Theory and Computation, 2023.

Koivula, M, J.; Eeva, T. **Metal-related oxidative stress in birds.** Environmental Pollution, 2010.

Kuhnen, V, V.; Kanaan, V, T. Wildlife trade in Brazil: A closer look at wild pets welfare issues. Brazilian Journal of Biology, 2014.

Kumar, K, K.; Shalev-Benami, M.; Robertson, M, J.; Hu, H.; Banister, S, D.; Hollingsworth, S, A.; Latorraca, N, R.; Kato, H, E.; Hilger, D.; Maeda, S.; Weis, W, I.; Farrens, D, L.; Dror, R, O.; Malhotra, S, V.; Kobilka, B, K.; Skiniotis, G. **Structure of a Signaling Cannabinoid Receptor 1-G Protein Complex.** Cell, 2019.

Kumar, S.; Stecher, G.; Li, M.; Knyaz, C.; Tamura, K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. Molecular Biology and Evolution, 2018.

Laprairie, R, B.; Kelly, M, E, M.; Denovan-Wright, E, M. The dynamic nature of type 1 cannabinoid receptor (CB<sub>1</sub>) gene transcription. British Journal of Pharmacology, 2012.

Larcombe, S, D.; Tregaskes, C, A.; Coffey, J.; Stevenson, A, E.; Alexander, L, G.; Arnold, K, E. **Oxidative stress, activity behaviour and body mass in captive parrots.** Conservation Physiology, 2015.

Laskowski, R, A.; Macarthur, M, W.; Moss, D, S.; Thornton, J, M. *PROCHECK*: a program to check the stereochemical quality of protein structures. Journal of Applied Crystallography, 1993.

Laurella, L, C.; Moglioni, A, G.; Martini, M, F. **Molecular study of endo and phytocannabinoids on lipid membranes of different composition.** Colloids and Surfaces B: Biointerfaces, 2023.

Lee, W.; Park, S. J; Hwang, J.Y.; Hur, K, H.; Lee, Y, S.; Kim, J.; Zhao, X.; Park, A.; Min, K, H.; Jang, C, G.; Park, H, J. **QSAR Model for Predicting the Cannabinoid Receptor 1 Binding Affinity and Dependence Potential of Synthetic Cannabinoids.** Molecules, 2020.

Lewis, M, M.; Yang, Y.; Wasilewski, E.; Clarke, H, A.; Kotra, L, P. Chemical Profiling of Medical Cannabis Extracts. ACS Omega Journal, 2017.

Li, H.; Sun, X.; Cui, W.; Xu, M.; Dong, J.; Ekundayo, B, E.; Ni, D.; Rao, Z.; Guo, L.; Stahlberg, H.; Yuan, S.; Vogel, H. Computational drug development for membrane protein targets. Nature Biotechnology, 2024.

Liao, Y-Y.; Zhang, H.; Shen, Q.; Cai, C.; Ding, Y.; Shen, D-D.; Guo, J.; Qin, J.; Dong, Y.; Zhang, Y.; Li, X-M. Snapshot of the cannabinoid receptor 1-arrestin complex unravels the biased signaling mechanism. Cell, 2023.

Liu, Q.; Zhang, Y.; Li, H.; Gao, H.; Zhou, Y.; Luo, D.; Shan, Z.; Yang, Y.; Weng, J.; Li, Q.; Yang, W.; Li, X. Squalene epoxidase promotes the chemoresistance of colorectal cancer via (S)-2,3-epoxysqualene-activated NF-Kb. Cell Communication ang Signaling, 2024.

Lopes, A, R, S.; Rocha, M, S.; Mesquita, W, U.; Drumond, T.; Ferreira, N, F.; Camargos, R, A, L.; Vilela, D, A, R.; Azevedo, C, S. **Translocation and Post-Release Monitoring of Captive-Raised Blue-fronted Amazons** *Amazona aestiva*. Acta Ornithologica, 2018.

Lutz, B. **Molecular biology of cannabinoid receptors**. Prostaglandins, Leukotrienes and Essential Fatty Acids, 2002.

Lynch, D, L.; Reggio, P, H. Cannabinoid CB1 receptor recognition of endocannabinoids via the lipid bilayer: molecular dynamics simulations of CB1 transmembrane helix 6 and anandamide in a phospholipid bilayer. Journal of Computer-Aided Molecular Design, 2006.

Marietto-Gonçalves, G, A. Manual de Emergências Aviárias: Segunda Edição. Editora MedVet, 2016.

Mcpartland, J, M. *Cannabis sativa* and *Cannabis indica* versus "Sativa" and "Indica". In: *Cannabis sativa* L. - Botany and Biotechnology. Chandra, S.; Lata, H.; Elsohly, M, A. Springer, 2017.

Mcpartland, J, M. *Cannabis* Systematics at the Levels of Family, Genus, and Species. Cannabis and Cannabinoid Research, 2018.

Mechoulam, R.; Parker, L, A. **The endocannabinoid system and the brain.** Annual Review of Psychology, 2013.

Mendonça-Furtado, O.; Ottoni, E, B. Learning generalization in problem solving by a blue-fronted parrot (*Amazona aestiva*). Animal Cognition, 2008.

Miller, N, J.; Sampson, J.; Candeias, L, P.; Bramley, P, M.; Rice-Evans, C, A. Antioxidant activities of carotenes and xanthophylls. FEBS Letters, 1996.

Mizera, M.; Latek, D.; Cielecka-Piontek, J. Virtual Screening of *C. Sativa* Constituents for the Identification of Selective Ligands for Cannabinoid Receptor 2. International Journal of Molecular Sciences, 2020.

Montero, C.; Campillo, N, E.; Goya, P.; Páez, J, A. Homology models of the cannabinoid CB1 and CB2 receptors. A docking analysis study. European Journal of Medicinal Chemistry, 2005.

Montgomery, M, K.; Hulbert, A, J.; Buttemer, W, A. **Metabolic rate and membrane fatty acid composition in birds: a comparison between long-living parrots and short-living fowl.**Journal of Comparative Physiology B, 2012.

Morales, P.; Bruix, M.; Jiménez, M, A. Structural Insights into β-arrestin/CB1 Receptor Interaction: NMR and CD Studies on Model Peptides. International Journal of Molecular Sciences, 2020.

Munro, S.; Thomas, K, L.; Abu-Shaar, N. Molecular characterization of a peripheral receptor for cannabinoids. Nature, 1993.

Nascimento, D, C.; Paula, C, R.; Ruiz, L, S.; Domaneschi, C.; Navarro, B, S.; Baroni, Orsi, R, B.; Melhem, M, S, C.; Jr-Leite, D, P. *Cryptococcus albidus* var. albidus Isolated from Turquoise Fronted Parrots (*Amazona aestiva: Psittacidae*) Kept in Captivity: A Probable Reservoir Ecological of Fungal Specimen. Journal of Veterinary Science & Technology, 2017.

Neijat, M.; Suh, M.; Neufeld, J.; House, J, D. Increasing Levels of Dietary Hempseed Products Leads to Differential Responses in the Fatty Acid Profiles of Egg Yolk, Liver and Plasma of Laying Hens. Lipids, 2016.

Nosé, S. A molecular dynamics method for simulations in the canonical ensemble. Molecular Physics, 1984.

Olkowicz, S.; Kocourek, M.; Lučan, R, K.; Porteš, M.; Fitch, W, T.; Herculano-Houzel, S.; Němec, P. **Birds have primate-like numbers of neurons in the forebrain.** Proceedings of the National Academy of Sciences, 2016.

Oswald, I, W, H.; Paryani, T, R.; Sosa, M, E.; Ojeda, M, A.; Altenbernd, M, R.; Grandy, J, A.; Shafer, N, S.; Ngo, K.; Peat Iii, J, R.; Melshenker, B, G.; Skelly, I.; Koby, K, A.; Page, M, F, Z.; Martin, T, J. Minor, Non-Terpenoid Volatile Compounds Drive the Aroma Differences of Exotic Cannabis. ACS Omega, 2023.

Paiva, D. DIAMBA: Histórias do Proibicionismo no Brasil. Editora Brasa, 2023.

Parrinello, M.; Rahman, A. Polymorphic transitions in single crystals: A new molecular dynamics method. Journal of Applied Physics, 1981.

Paula, V, V.; Fantoni, D, T.; Otsuki, D, A.; Auler Júnior, J, O, C. **Blood-gas and electrolyte** values for Amazon parrots (*Amazona aestiva*). Pesquisa Veterinária Brasileira, 2008.

Paula, V, V.; Otsuki, D, A.; Auler Júnior, J, O, C.; Nunes, T, L.; Ambrósio, A, M.; Fantoni, D, T. The effect of premedication with ketamine, alone or with diazepam, on anaesthesia with sevoflurane in parrots (*Amazona aestiva*). BMC Veterinary Research, 2013.

Pertwee, R, G. Cannabinoid pharmacology: the first 66 years. British Journal Pharmacology, 2006.

Pertwee, R, G. Cannabinoid receptor ligands: clinical and neuropharmacological considerations, relevant to future drug discovery and development. Expert Opinion on Investigational Drugs, 2000.

Pollastro, F.; Minassi, A.; Fresu, L, G. Cannabis Phenolics and their Bioactivities. Current Medicinal Chemistry, 2018.

Radwan, M, M.; Chandra, S.; Gul, S.; Elsohly, M, A. Cannabinoids, Phenolics, Terpenes and Alkaloids of Cannabis. Molecules, 2021.

Radwan, M, M.; Elsohly, M, A.; Slade, D.; Ahmed, S, A.; Khan, I, A.; Ross, S, A. **Biologically Active Cannabinoids from High-Potency** *Cannabis sativa*. ACS Publications, 2009.

Ramachandran, G, N.; Ramakrishnan, C.; Sasisekharan, V. **Stereochemistry of polypeptide chain configurations.** Journal of Molecular Biology, 1963.

Renne, M, F.; Ernst, R. Membrane homeostasis beyond fluidity: control of membrane compressibility. Trends in Biochemical Sciences, 2023.

Ritter, D, V, M.; Zadik-Weiss, L.; Almogi-Hazan, O.; Or, R. Cannabis, One Health, and Veterinary Medicine: Cannabinoids' Role in Public Health, Food Safety, and Translational Medicine. Rambam Maimonides Medical Journal, 2020.

Rodrigues, R, P.; Mantoani, S, P.; De Almeida, J, R.; Pinsetta, F, R.; Semighini, E, P.; Da Silva, V, B.; Da Silva, C, H, P. Estratégias de Triagem Virtual no Planejamento de Fármacos. Revista Virtual de Química, 2012.

Sabbadin, D.; Moro, S. Supervised Molecular Dynamics (SuMD) as a Helpful Tool To Depict GPCR-Ligand Recognition Pathway in a Nanosecond Time Scale. Journal of Chemical Information and Modeling, 2014.

Sarkar, A.; Mitra, A.; Borics, A. All-Atom Molecular Dynamics Simulations Indicated the Involvement of a Conserved Polar Signaling Channel in the Activation Mechanism of the Type I Cannabinoid Receptor. International Journal of Molecular Sciences.

Saumell-Esnaola, M.; Elejaga-Jimeno, A.; Echeazarra, L.; Borrega-Román, L.; Barrondo, S.; De Jesús, M, L.; González-Burguera, I.; Gómez-Sampson, P, B. Phytocannabinoid Pharmacology: Medicinal Properties of *Cannabis sativa* Constituents Aside from the "Big Two". Journal of Natural Products, 2020.

Savarese, A, N.; Berg, K, J.; Paulsen, D, B.; Sasaki, E.; Stewart, M.; Gaschen, L, E.; Jowett, P, L.; Tully Jr., T, N. Unusual Pathologic Brain Changes Associated with Zinc Toxicosis in a Blue-Fronted Amazon Parrot (*Amazona aestiva*). Avian Diseases Journal, 2020.

Seixas, G, H, F.; Mourão, G. A long-term study indicates that tree clearance negatively affects fledgling recruitment to the Blue-fronted Amazon (*Amazona aestiva*) population. PLoS One, 2022.

Sejdiu, B, I.; Tieleman, D, P. Lipid-Protein Interactions Are a Unique Property and Defining Feature of G Protein-Coupled Receptors. Biophysical Journal, 2020.

Sengupta, D.; Prasanna, X.; Mohole, M.; Chattophadhyay, A. Exploring GPCR-Lipid Interactions by Molecular Dynamics Simulations: Excitements, Challenges, and the Way Forward. The Journal of Physical Chemistry B, 2018.

Seo, S.; Murata, M.; Shinoda, W. Pivotal Role of Interdigitation in Interleaflet Interactions: Implications from Molecular Dynamics Simulations. The Journal of Physical Chemistry Letters, 2020.

Shahbazi, F.; Grandi, V.; Banerjee, A.; Trant, J, F. Cannabinoids and Cannabinoid Receptors: The Story so Far. iScience, 2020.

Shao, Z.; Yan, W.; Chapman, K.; Ramesh, K.; Ferrell, A, J.; Yin, J.; Wang, X.; Xu, Q.; Rosenbaum, D, M. **Structure of an allosteric modulator bound to the CB1 cannabinoid receptor.** Nature Chemical Biology, 2019.

Sharma, C.; Sadek, B.; Goyal, S, N.; Sinha, S.; Kamal, M, A.; Ojha, S. Small Molecules from Nature Targeting G-Protein Coupled Cannabinoid Receptors: Potential Leads for Drug Discovery and Development. Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine, 2015.

Shete, S, S.; Mondal, A, K.; Reddy, D, S. **Total Synthesis of the Dimeric Phytocannabinoid Cannabitwinol (CBD Dimer) and Its Analogues.** Journal of Natural Products, 2024.

Shim, J-Y.; Ahn, K, H.; Kendall, D, A. Molecular Basis of Cannabinoid CB1 Receptor Coupling to the G Protein Heterotrimer Gα<sub>i</sub>βγ. Journal of Biological Chemistry, 2013.

Silver, R, J. The Endocannabinoid System of Animals. Animals, 2019.

Silver, R, J. **The Endocannabinoid System and Endocannabinoidome.** Em: Cannabis Therapy in Veterinary Medicine: A Complete Guide. CITAL, S.; KRAMER, K.; HUGHSTON, L.; GAYNOR, J, S. (editors). Springer Cham, 2021.

Simei, J, L, Q.; Souza, J, D, R.; Lisboa, J, R.; Campos, A, C.; Guimarães, F, S.; Zuardi, A.; Crippa, J, A, S. Does the "Entourage Effect" in Cannabinoids Exist? A Narrative Scoping Review. Cannabis and Cannabinoid Research, 2024.

Smeds, A, I.; Eklund, P, C.; Willför, S, M. Content, composition, and stereochemical characterisation of lignans in berries and seeds. Food Chemistry, 2012.

Schmitt, S, E.; Neves, G, B.; Withoeft, J, A.; Costa, L, S.; Biezus, G.; Pagani, R, S.; Miletti, L, C.; Costa, U, M.; Casagrande, R, A. Parrot bornaviruses in psittacines kept in captivity in the state of Santa Catarina, Brazil. Journal of Zoo and Wildlife Medicine, 2024.

Sosa-Higareda, M.; Guzman, D, S-M.; Knych, H.; Lyubimov, A.; Zakharov, A.; Gomez, B.; Beaufrère, H. Twice-daily oral administration of a cannabidiol and cannabidiolic acid—rich hemp extract was well tolerated in orange-winged Amazon parrots (*Amazona amazonica*) and has a favorable pharmacokinetic profile. American Journal of Veterinary Research, 2023.

Studer, G.; Rempfer, C.; Waterhouse, A, M.; Gumienny, R.; Haas, J.; Schwede, T. **QMEANDisCo-distance constraints applied on model quality estimation.** Bioinformatics, 2020.

Stryker, Z.; Castillo-Arellano, J, I.; Cutler, S, J.; Wyatt, M, D.; León, F. Semi-Synthesis of Dimeric Cannabidiol Derivatives and Evaluation of their Affinity at Neurological Targets. Journal of Natural Products, 2025.

Takamori, S.; Holt, M.; Stenius, K.; Lemke, E, A.; Grønborg, M.; Riedel, D.; Urlaub, H.; Schenck, S.; Brügger, B.; Ringler, F.; Müller, S, A.; Rammner, B.; Gräter, F.; Hub, J, S.; De Groot, B, L.; Mieskes, G.; Moriyama, Y.; Klingauf, J.; Grubmüller, H.; Heuser, J.; Wieland, F.; Jahn, R. Molecular Anatomy of a Trafficking Organelle. Cell, 2006.

Tiburu, E, K.; Gulla, S, V.; Tiburu, M.; Janero, D, R.; Budil, D, E.; Makriyannis, A. **Dynamic** Conformational Responses of a Human Cannabinoid Receptor-1 Helix Domain to Its Membrane Environment. Biochemistry, 2009.

Tignani, M, V.; Secci, G.; Angelucci, E.; Medeiros, A, C, L.; Rodriguez, L, F, P.; Mancinelli, A, C.; Mattioli, S.; Parisi, G.; Castellini, C.; Dal Bosco, A. Dietary Inclusion of Hemp Seeds (Cannabis Sativa Var. Carmagnola) Affected Live Weight, Quality, and Oxidative Status of Breast, Thigh and Liver of Naked-Neck Kabir Chickens. Italian Journal of Animal Science, 2024.

Toft, C, A.; Wright, T, F. Parrots of the Wild: A Natural History of the World's Most Captivating Birds. University of California Press, Berkeley, CA, USA, 2015.

Turner, N.; Else, P, L.; Hulbert, A, J. An allometric comparison of microsomal membrane lipid composition and sodium pump molecular activity in the brain of mammals and birds. Journal of Experimental Biology, 2005.

Turner, P, J. **XMGRACE:** An Open Source 2D Plotting Tool. XMGRACE, 2005. Disponível em: http://plasma-gate.weizmann.ac.il/Grace/. Acesso em: 17 dez. 2024.

Verma, R.; Hoda, F.; Arshad, M.; Iqubal, A.; Siddiqui, A, N.; Khan, M, A.; Haque, S, E.; Akhtar, M.; Najmi, A, K. Cannabis, a Miracle Drug with Polyvalent Therapeutic Utility: Preclinical and Clinical-Based Evidence. Medical Cannabis and Cannabinoids, 2021.

Waterhouse, A, M.; Bertoni, M.; Bienert, S.; Studer, G.; Tauriello, G.; Gumienny, R.; Heer, F, T.; De Beer, T, A, P.; Rempfer, C.; Bordoli, L.; Lepore, R.; Schwede, T. **SWISS-MODEL:** homology modelling of protein structures and complexes. Nucleic Acids Research, 2018.

Waterhouse, A, M.; Studer, G.; Robin, X.; Bienert, S.; Tauriello, G.; Schwede, T. The Structure Assessment web server: for proteins, complexes and more. Nucleic Acids Research, 2024.

Wirthlin, M.; Lima, N, C, B.; Guedes, R, L, M.; Soares, A, E, R.; Almeida, L,G, P.; Cavaleiro, N, P.; Morais, G, L.; Chaves, A, V.; Howard, J, T.; Teixeira, M, M.; Schneider, P, N.; Santos, F, R.; Schatz, M, C.; Felipe, M, S.; Miyaki, C, Y.; Aleixo, A.; Schneider, M, P, C.; Jarvis, E, D.; Vasconcelos, A, T, R.; Prosdocimi, F.; Mello, C, V. Parrot Genomes and the Evolution of Heightened Longevity and Cognition. Current Biology, 2018.

Wishart, D, S.; Inchehborouni, G.; Cao, X.; Guo, A, C.; Hiebert, G, M.; Levatte, M.; Liigand, J.; Wang, F.; Bhumireddy, S.; Wang, Y.; Zhang, J.; Mandal, R.; Dyck, J. Chemical composition of *Cannabis*. (Manuscript in Preparation).

Wu, Y.; Li, X.; Hua, T.; Liu, Z-J.; Liu, H.; Zhao, S. MD Simulations Revealing Special Activation Mechanism of Cannabinoid Receptor 1. Frontiers in Molecular Biosciences, 2022.

Yan, N.; Liu, Y.; Gong, D.; Du, Y.; Zhang, H.; Zhang, Z. Solanesol: a review of its resources, derivatives, bioactivities, medicinal applications, and biosynthesis. Phytochemistry Reviews, 2015.

Yan, X.; Tang, J.; Passos, C, S.; Nurisso, A.; Simões-Pires, C, A.; Ji, M.; Lou, H.; Fan, P. Characterization of Lignanamides from Hemp (*Cannabis sativa L.*) Seed and Their Antioxidant and Acetylcholinesterase Inhibitory Activities. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2015.

Yang, H.; Zhou, J.; Lehmann, C. **GPR55** – a putative "type 3" cannabinoid receptor in inflammation. Journal of Basic and Clinical Physiology and Pharmacology, 2015.

Yang, X.; Wang, X.; Xu, Z.; Wu, C.; Zhou, Y.; Wang, Y.; Lin, G.; Li, K.; Wu, M.; X, A.; Liu, J.; Cheng, L.; Zou, J.; Yan, W.; Shao, Z.; Yang, S. Molecular mechanism of allosteric modulation for the cannabinoid receptor CB1. Nature Chemical Biology, 2022.

Zhang, L-N.; Huang, Y-H.; Liu, H.; Li, L-X.; Bai, X.; Yang, G-D. Molecular detection of bornavirus in parrots imported to China in 2022. BMC Veterinary Research, 2023.

Zhou, Y.; Wang, S.; Ji, J.; Lou, H.; Fan, P. Hemp (*Cannabis sativa* L.) Seed Phenylpropionamides Composition and Effects on Memory Dysfunction and Biomarkers of Neuroinflammation Induced by Lipopolysaccharide in Mice. ACS Omega, 2018.

Zou, Y.; Ewalt, J.; Ng H-L. Recent Insights from Molecular Dynamics Simulations for G Protein-Coupled Receptor Drug Discovery. International Journal of Molecular Sciences, 2019.

Zulfiqar, F.; Ross, S, A.; Slade, D.; Ahmed, S, A.; Radwan, M, M.; Ali, Z.; Khan, I, A.; Elsohly, M, A. Cannabisol, a novel Δ9-THC dimer possessing a unique methylene bridge, isolated from *Cannabis sativa*. Tetrahedron Letters, 2012.

# 9. APÊNDICE A

Resultados da triagem virtual (SBVS) realizada para o receptor CB1 de *Amazona aestiva*, utilizando um conjunto de 567 fitocanabinoides mais o canabinoide sintético CP55,940 (destacado em vermelho).

$N^{o}$	ID	Nome comum (inglês)	$\Delta G$
1	CDB000774	Cannabisin O	-108.83
2	CDB56	Cannabitwinol (THCD)	-99.16
3	CDB01	Cannabisol (CBDD)	-91.80
4	CDB005226	Solanesyl-diphosphate	-85.43
5	CDB19	α-cadinyl cannabigerolate	-81.27
6	CDB000772	Cannabisin M	-78.88
7	CDB000346	Xanthophyll	-74.66
8	CDB000345	Carotene	-73.93
9	CDB004889	(S)-2,3-Epoxysqualene	-72.47
10	CDB000771	Cannabisin F	-72.16
11	CDB000775	Grossamide	-72.04
12	CDB005225	Squalene	-71.35
13	CDB000778	3,3'-Demethyl-heliotropamide	-71.22
14	CDB000770	Cannabisin E	-71.05
15	CDB000224	Phylloquinone	-70.29
16	CDB000221	Friedelanol	-70.21
17	CDB005048	Soyasapogenol B	-70.11
18	CDB50	4-terpenyl-Δ9-tetrahydrocannabinolate	-69.38
	CDB000100	Friedelin	-69.31
20	CDB000347	Cannabisin D	-69.13
21	CDB000768	Cannabisin G	-68.99
22		Rebaudioside A	-68.94
	CDB005316	Camelliol C	-68.87
	CDB005331	4,4-Dimethyl-5a-cholesta-8-en-3b-ol	-68.78
	CDB004977	α-Tocotrienol	-68.77
	CDB05	β-amyrin	-67.61
	CDB16	α-fenchyl-Δ9-tetrahydrocannabinolate	-67.49
	CDB005328	24,25-Dihydrolanosterol	-66.88
29	CDB005038	γ-Tocotrienol	-66.76
	CDB006176	Stigmasterol	-66.73
31	CDB004899	Lanosterol	-66.27
32		Cannabisin N	-65.88
33	CDB000289	7-keto-β-Sitosterol	-65.67
		(2,3-trans)-3-(3-hydroxy-5-methoxyphenyl)-N-(4-hydroxyphenethyl)-7-{(E)-3-[(4-hydroxyphenethyl)	
		amino]-3-oxoprop-1-enyl}-2,3-dihydro-benzo [b] [1,4]	
34	CDB000777	dioxine-2-carboxamide	-65.59
35	CDB005004	all-trans-Hexaprenyl diphosphate	-65.54
36	CDB000111	Stigmasta-4,22-dien-3-one	-65.39

37	CDB004979	β-Tocopherol	-65.38
	CDB004979 CDB000391	Vitamin K	-65.21
39	CDB000391 CDB000769	Cannabisin C	-65.16
40	CDB000767	Cannabisin B	-65.15
41	CDB004944	Δ-Tocopherol	-65.01
42	CDB005338	Avenasterol	-64.88
43	CDB0003336	Sitosterol	-64.69
44	CDB005003	all-trans-Heptaprenyl diphosphate	-64.42
45	CDB003003	Cannabisin A	-64.21
	CDB000700	Stigmasta-5,22-dien-3β-ol-7-one	-64.10
47	CDB004919	γ-Tocopherol	-63.67
48	CDB0004313	campest-5-en-3β-ol-7-one	-63.54
49	CDB005220	Phylloquinol	-63.53
50	CDB005220 CDB005333	Obtusifoliol	-63.49
51	CDB003333 CDB004988	5-Dehydroavenasterol	-63.42
52	CDB004988 CDB000062	Campesterol	-63.33
53	CDB000002 CDB005330	4,4-Dimethyl-5a-cholesta-8,24-dien-3-b-ol	-62.76
	CDB005330 CDB005332	Cycloartenol	-62.70 -62.57
55	CDB003332 CDB000287	5α-Stigmasta-7,24(28)-dien-3β-ol	-62.37
56	CDB000287 CDB005219	Demethylphylloquinone	-62.37
	CDB005219 CDB005340	4a-Methylzymosterol-4-carboxylic acid	-62.13
58	CDB005340 CDB005053	2-Methyl-6-phytylhydroquinone	-62.13
59	CDB005033	Presqualene diphosphate	-62.12
60	CDB003314 CDB000776	3,3'-Demethyl-grossamide	-61.46
61	CDB000770 CDB000290	Stigmast-4-en-3-one	-60.59
62	CDB23	Sesquicannabigerol	-58.91
63	CDB000342	Orientin-7-o-rhamnoglucoside	-58.75
64	CDB005050	Steviobioside Steviobioside	-58.54
	CDB000742	Cannflavin A	-58.20
	CDB000744	Cannflavin C	-57.16
	PDB: 7WV9	CP55,940	-56.62
	CDB000334	Apigenin-7-o-p-coumarylglucoside	-55.63
69	CDB03	Δ9-tetrahydrocannabiphorol (Δ9-THCP)	-53.67
70	CDB41	Δ8-tetrahydrocannabinol (Δ8-THC)	-53.21
71	CDB000337	Isovitexin 7-O-glucoside 2''-O-arabinoside	-51.59
72	CDB06	Cannabidihexol (CBDH)	-51.52
73	CDB000791	2"-o-Glucopyranosylvitexin	-51.49
74	CDB07	Δ9-tetrahydrocannabidihexol (Δ9-THCH)	-51.46
75	CDB32	(±)-4-acetoxycannabichromene	-51.15
	CDB000424	Cannabielsoic acid B	-50.97
77	CDB13	(–)-7R-cannabicourmarone	-50.89
<b>78</b>	CDB000011	Cannabigerolic acid monomethylether	-50.75
79	CDB27	10α-hydroxy-Δ9'11-hexahydrocannabinol	-50.56
80	CDB000042	Cannabichromene monomethylether	-50.48
81	CDB000341	Orientin-7-o-glucoside	-50.38
82	CDB000034	10-Ethoxy-9-hydroxy- $\Delta$ -6a-tetrahydrocannabinol	-50.29
			- J. <b>-</b> J

83	CDB000751	3,4'-Dihydroxy-5,3'-dimethoxy-5' isoprenyl bibenzyl	-50.28
84	CDB000017	Δ9-tetrahydrocannabinolic acid B	-50.23
85	CDB35	Cannabioxepane	-50.07
86	CDB000007	Cannabichromene (CBC)	-50.07
		3-[2-(3-Isoprenyl-4-hydroxy-5-methoxy-phenyl)ethyl]-	
87	CDB000328	5-methoxyphenol	-50.01
88	CDB000025	Cannabicyclolic acid (CBLA)	-49.93
89	CDB47	3-hydroxy-Δ4,5-cannabichromene	-49.72
90	CDB000027	Cannabielsoin (CBE)	-49.60
91	CDB000004	Cannabigerol monomethylether	-49.54
92	CDB000344	Vitexin-4'-o-rhamnoglucoside	-49.53
93	CDB000339	Isovitexin-7-o-rhamnoglucoside	-49.49
94	CDB46	(9S)-hexahydrocannabinol	-49.39
95	CDB000041	Δ1(2)-Tetrahydrocannabinol methylether	-49.28
96	CDB000335	Apigenin-7-o-glucoside	-49.13
97	CDB000039	6a,7,10a-Trihydroxy-Δ-9-tetrahydrocannabinol	-48.99
98	CDB31	(–)-7-hydroxycannabichromane	-48.81
99	CDB000048	Phytol	-48.69
100	CDB000398	Cannabichromenic acid (CBCA)	-48.57
101	CDB15	Δ9-tetrahydrocannabinolate	-48.46
102	CDB000029	Cannabinol (CBN)	-48.45
103	CDB000003	Cannabigerol (CBG)	-48.44
104	CDB48	6',7'-epoxycannabigerol	-48.41
105	CDB000030	Cannabinol methylether	-48.41
106	CDB04	Cannabidiphorol (CBDP)	-48.33
107	CDB000440	Dehydrocannabifuran	-48.24
108	CDB29	5-acetyl-4-hydroxycannabigerol	-48.23
109	CDB44	Tetrahydrocannabinol acetate	-48.22
110	CDB000441	Cannabifuran (CBF)	-48.22
111	CDB000023	Δ8-tetrahydrocannabinolic acid	-48.16
112	CDB33	(±)-3"-hydroxy-Δ(4",5") cannabichromene	-48.06
113	CDB20	Cannabigerolate	-48.04
114	CDB000012	Cannabidiol monomethylether	-47.98
115	CDB25	4-acetoxy-2-geranyl-5-hydroxy-3-n-pentylphenol	-47.96
116	CDB000001	Δ9-tetrahydrocannabinol (Δ9-THC)	-47.87
117	CDB000024	<b>Δ8-tetrahydrocannabinol (Δ8-THC)</b>	-47.87
118	CDB005237	ent-16-Kauren-19-ol	-47.53
119	CDB17	11-hydroxy-Δ8-tetrahydrocannabinol	-47.38
120	CDB000752	Canniprene	-47.28
121	CDB000036	Cannabicitran (CBTC)	-46.79
122	CDB55	Cannabichromanone-D	-46.73
123	CDB000035	8,9-Dihydroxy-∆-6a-tetrahydrocannabinol	-46.61
124	CDB000433	Cannabinodiol (CBND)	-46.56
125	CDB02	Cannabiglendol	-46.24
126	CDB000338	Isovitexin- 4'-o-glucoside	-46.00
127	CDB14	11-hydroxycannabinol	-45.93

128	CDB30	5-acetoxy-6-geranyl-3-n-pentyl-1,4-benzoquinone	-45.90
	CDB000028	Cannabinolic acid	-45.90
	CDB000028	10-Oxo-Δ-6a-tetrahydrocannabinol	-45.81
	CDB18	11-hydroxy-Δ9-tetrahydrocannabinol	-45.80
	CDB000439	Ethoxy-cannabitriolvarin	-45.79
	CDB000745	Isocannflavin B	-45.76
	CDB39	8-hydroxycannabinolic acid A	-45.75
	CDB10	Cytisoside	-45.71
	CDB000040	2-Oxo-\Delta(4)-tetrahydrocannabinol	-45.70
	CDB000016	Δ9-tetrahydrocannabinolic acid A	-45.69
	CDB000026	Cannabicyclol	-45.52
	CDB51	7-hydroxycannabidiol	-45.26
	CDB000010	Cannabidiolic acid	-45.16
	CDB000477	Cannabistilbene I	-45.03
	CDB000790	2"-o-Glucopyranosylorientin	-44.92
	CDB000038	Δ9-cis-tetrahydrocannabinol	-44.86
	CDB005834	Isotetrahyrocannabinol	-44.82
145	CDB000020	Δ9-tetrahydrocannabivarinic acid	-44.76
146	CDB000447	Cannabiripsol	-44.75
147	CDB45	(9R)-hexahydrocannabinol	-44.70
148	CDB000435	Cannabitriol (CBT)	-44.64
149	CDB28	10α-hydroxy-Δ8-tetrahydrocannabinol	-44.59
150	CDB000343	Vitexin-7-o-(6'-glucoside)	-44.53
151	CDB52	$\Delta 6$ -cannabidiol	-44.52
152	CDB000738	Vitexin	-44.52
153	CDB000743	Cannflavin B	-44.40
154	CDB000018	Cannabigerolic acid	-44.32
155	CDB000226	(+)-Pinoresinol	-44.30
	CDB000002	Cannabidiol (CBD)	-44.26
157	CDB000422	Cannabicyclovarin (CBLV)	-44.05
	CDB12	nor-cannabichromene	-43.96
	CDB53	4'-fluorocannabidiol	-43.92
	CDB08	Cannabimovone (CBM)	-43.89
161	CDB21	Carmagerol	-43.61
	CDB40	8-hydroxycannabinol	-43.61
	CDB24	2-geranyl-5-hydroxy-3-n-pentyl-1,4-benzoquinone	-43.41
	CDB005238	ent-16-Kauren-19-al	-43.38
	CDB005071	Salvigenin	-43.23
	CDB000019	Δ9-tetrahydrocannabinol-C4	-43.14
	CDB000225	(+)-lariciresinol	-43.13
	CDB22	Cannabicoumaronone	-43.11
169	CDB000031	Cannabinol-C4	-42.98
	CDB000009	Cannabichromevarin (CBCV)	-42.95
	CDB000022	Δ7-cis-iso-tetrahydrocannabivarin	-42.95
	CDB000234	Anhydrocannabisativine	-42.89
173	CDB11	Flavosativaside (Vitexin 2''-O-β-D-glucoside)	-42.86

174	CDB000043	8,9-Dihydrocannabidiol	-42.84
175	CDB26	Tetrahydrocannabivarol	-42.76
176	CDB000008	Cannabichromevarinic acid	-42.69
177	CDB000340	Cynaroside	-42.54
178	CDB43	6-prenylapigenin	-42.52
179	CDB000312	Farnesyl acetone	-42.51
180	CDB000434	Cannabinodivarin	-42.51
181	CDB005212	Cyanidin 3-sambubioside	-42.50
182	CDB000423	Cannabielsoic acid A	-42.47
183	CDB005213	Cyanidin 3-sambubioside 5-glucoside	-42.43
184	CDB006353	11-Nor-9-carboxy-THC	-42.24
185	CDB000361	Moupinamide	-42.04
186	CDB000013	Cannabidiol-C4	-42.03
		4-Hydroxy-2,3,6,7-tetramethoxy-9,10-dihydrophenan-	
	CDB000750	threne	-41.95
188	CDB000005	Cannabigerovarinic acid	-41.94
	CDB000442	Cannabichromanon	-41.87
190	CDB34	Cannabichromanone-C5	-41.84
	CDB005076	Pelargonidin 3-glucoside	-41.84
192	CDB000615	Hexestrol	-41.79
	CDB004949	Rutin	-41.73
194	CDB000014	Cannabidivarinic acid	-41.62
	CDB000739	Isovitexin	-41.46
	CDB000278	6,10,14-Trimethyl-pentadecan-2-one	-41.33
	CDB000021	Δ-9-tetrahydrocannabivarin	-41.26
198	CDB004969	Geranylgeranyl-PP	-41.21
199	CDB000006	Cannabigerovarin	-41.10
200	CDB000032	Cannabivarin (CBV)	-40.86
	CDB000233	Cannabisativine	-40.82
	CDB005239	Gibberellin A12 7-aldehyde	-40.77
	CDB000754	Cannabistilbene IIb	-40.76
204	CDB54	Cannabichromanone-B	-40.65
205	CDB000229	n-(p-hydroxy-β-phenylethyl)-p-hydroxy-(trans)-cin- namide	-40.60
	CDB000229 CDB000015	Cannabidivarin (CBDV)	-40.52
207		Apigenin 7,4'-dimethyl ether	-40.32
	CDB003072 CDB000077	Methyl linoleate	-40.33
209	CDB000077	Cannabistilbene II	-39.63
210	CDB000650	o-Methylacetophenone	-39.44
211	CDB004993	Farnesylcysteine	-39.41
	CDB004993 CDB000033	Cannabinol-C2	-39.41
	CDB000033	Secoisolariciresinol	-39.10
	CDB000094 CDB000415	Δ9-tetrahydrocannabiorcolic acid	-39.13
-17	CDD000713	3-[2-(3-Hydroxy-4-methoxyphenyl)ethyl]-5-me-	37.00
215	CDB000112	thoxyphenol	-38.96
216	CDB005210	Delphinidin 3-sambubioside	-38.92
217	CDB000793	Astragalin	-38.83

218	CDB000438	Cannabitriolvarin	-38.72
219	CDB000063	α-Copaene	-38.48
220	CDB000553	α-Cedrene	-38.40
221	CDB000480	(-)-Globulol	-38.32
222	CDB42	Chrysoeriol	-38.31
223	CDB09	Flavocannabiside	-38.09
224	CDB000197	(3R,6E)-Nerolidol	-38.08
225	CDB000330	cannabidihydrophenanthrene	-38.06
226	CDB000313	α-Gurjunene	-37.96
227	CDB000336	Apigenin 7-o-glucoside	-37.95
•••	CD DOOG 146	3,4,5,6-Tetrahydro-7-hydroxy-α-α-2-trimethyl-9-pro-	25.05
	CDB000446	pyl-2,6-methano-2H-1-benzoxocin-5-methanol	-37.87
229	CDB000102	Humulene	-37.86
	CDB000114	β-Humulene	-37.80
231	CDB000211	Syringin	-37.77
	CDB000581	Cedryl acetate	-37.77
233	CDB000711	γ-Caryophyllene	-37.73
	CDB006348	Bulnesol	-37.68
	CDB000119	α-Bisabolol	-37.67
	CDB000720	Humulene oxide	-37.65
237	CDB000078	β-Caryophyllene	-37.62
	CDB000314	α-Humulene epoxide I	-37.61
239	CDB000079	Guaiol	-37.60
240	CDB000712	trans-β-Caryophyllene	-37.59
241	CDB000561	Aromadendrene	-37.55
	CDB000349	Viridiflorene	-37.52
	CDB000466	Epi-α-Bisabolol	-37.49
	CDB000474	Caryophyllene oxide	-37.49
	CDB000213	β-Caryophyllene alcohol	-37.48
	CDB000458	β-Eudesmol	-37.44
	CDB000432	Cannabiorcol	-37.38
	CDB000416	Δ9-tetrahydrocannabiorcol	-37.37
	CDB000316	Ledol	-37.30
	CDB000219	3,7(11)-Eudesmadiene	-37.26
251	CDB000370	Apigenin (1D 4D 4D 10S) 4.12.12 Trimethyl 0 methylidene 5	-37.21
252	CDB000214	(1R,4R,6R,10S)-4,12,12-Trimethyl-9-methylidene-5-oxatricyclo[8.2.0.04,6]dodecane	-37.20
	CDB000315	α-Humulene epoxide II	-37.17
	CDB000454	α-Eudesmol	-37.12
	CDB004964	Resveratrol	-37.07
<b>256</b>	CDB49	5'-methyl-4-pentylbiphenyl-2,2',6-triol	-37.06
<b>257</b>	CDB000215	Cedarwood oil terpenes	-37.06
258	CDB000572	β-maaliene	-36.97
<b>259</b>	CDB006149	Farnesol	-36.96
260	CDB000305	allo-Aromadendrene	-36.90
261		Longifolene	-36.88
	-2200000		2 3.00

262	CDB000322	Cannabispiradienone	-36.88
263	CDB000575	β-Chamigrene	-36.88
264	CDB000762	5,7-Dihydroxyindan-1-spiro-cyclohexane	-36.74
265	CDB000479	(-)-Aristolene	-36.69
266	CDB000245	3,6-Dimethyl-tridecane	-36.64
267	CDB000482	(+)-calarene	-36.64
268	CDB000571	β-Irone	-36.63
269	CDB005195	Isoquercitrin	-36.60
270	CDB000763	7-Hydroxy-5-methoxyindan-1-spiro-cyclohexane	-36.60
		4a-Methyl-1-methylidene-7-(propan-2-ylidene)-deca-	
271	CDB000220	hydronaphthalene	-36.56
272	CDB005186	Isoliquiritigenin	-36.55
273	CDB000753	Cannabistilbene IIa	-36.53
274	CDB000363	N-trans-Caffeoyltyramine	-36.51
275	CDB000470	α-cis-Bergamotene	-36.38
276	CDB000326	cannabispirone	-36.36
277	CDB000764	5-Hydroxy-7-methoxyindan-1-spiro-cyclohexane	-36.36
278	CDB000461	γ-Eudesmol	-36.33
270	CDD000740	4,5-Dihydroxy-2,3,6-trimethoxy-9,10-dihydrophenan-	26.22
279	CDB000749	threne	-36.33
280	CDB000761	α-Cannabispiranol	-36.33
281	CDB000473	α-Longipinene	-36.28
282	CDB000352	trans-β-Farnesene	-36.25
283	CDB000311	trans-trans-α-Farnesene	-36.23
284	CDB000408	Cannabidiorcol	-36.08
285	CDB000310	(z)-β-Farnesen	-35.91
286	CDB000309	γ-elemene	-35.89 -35.86
287	CDB000453	α-Guaiene	
288	CDB005065	2-trans,6-trans-Farnesal	-35.85
289	CDB000118	β-Curcumene	-35.74
	CDB000321	Acetylcannabispirol	-35.71
291	CDB000758	Iso-cannabispiradienone	-35.66
	CDB000373	Kaempferol	-35.64
293	CDB000611	γ-Gurjunene	-35.57
294	CDB000760	β-cannabispiranol 9,10-dihydro-2,3,5,6-tetramethoxyphenanthrene-1,4-	-35.51
295	CDB38	dione	-35.50
	CDB000748	4,7-Dimethoxy-1,2,5-trihydroxyphenanthrene	-35.50
297		γ-Curcumene	-35.49
298	CDB000306	α-trans-bergamotene	-35.48
299	CDB000476	Isocannabispiran	-35.45
	CDB000472	α-Cadinene	-35.43
301	CDB000088	β-Bisabolene	-35.41
302	CDB000108	α-Curcumene	-35.38
303	CDB005194	Quercitrin	-35.32
	CDB005829	Bisabolene	-35.30
	CDB000449	trans-γ-Bisabolene	-35.21
- 50			~ · - 1

306	CDB000064	Dihydroresveratrol	-35.17
	CDB000216	(-)-γ-Cadinene	-35.16
308	CDB000318	α-selinene	-35.15
309	CDB000351	(±)-trans-Nerolidol	-35.14
310	CDB000759	Cannabispirenone-B	-35.12
311	CDB004938	Isorhamnetin	-35.09
312	CDB005191	(-)-Epiafzelechin	-34.99
313	CDB005209	Delphinidin 3-glucoside	-34.98
314	CDB000218	(+)-β-Selinene	-34.97
315	CDB000610	Furfurylmethylamphetamine	-34.91
316	CDB000324	Dehydrocannabispiran	-34.90
317	CDB005187	Liquiritigenin	-34.86
318	CDB000465	Cis-γ-Bisabolene	-34.83
319	CDB000317	epi-β-santalene	-34.81
320	CDB000212	(E)-Calamene	-34.71
321	CDB000674	Valencene	-34.71
322	CDB000469	β-Elemene	-34.68
323	CDB000468	α-Ylangene	-34.58
324	CDB000308	α-Caryophyllene alcohol	-34.55
325	CDB000103	Sativic acid	-34.49
326	CDB000484	(+)-Sativene	-34.49
327	CDB000068	β-Ionone	-34.48
328	CDB000327	3-[2-(4-Hydroxyphenyl)ethyl]-5-methoxyphenol	-34.39
329	CDB000082	<b>Δ-Cadinene</b>	-34.37
330	CDB000371	Luteolin	-34.33
331	CDB000273	pentadecanone-2	-34.28
332	CDB000350	β-Bisabolol	-34.28
	CDB000792	Quercetin-o-glucoside	-34.26
	CDB000716	<b>Δ-Guaiene</b>	-34.23
	CDB000552	α-Bulnescene	-34.15
336	CDB006352	Juniper camphor	-34.13
	CDB000591	Dibutyl phthalate	-33.97
	CDB004950	Pelargonidin	-33.97
	CDB006351	Selina-5,11-diene	-33.88
	CDB36	Bisnor-cannabichromanone-C3	-33.81
	CDB000483	(+)-nerolidol	-33.73
	CDB000109	α-Cubebene	-33.72
	CDB005070	Laricitrin	-33.56
	CDB000104	Orientin	-33.51
	CDB005188	Garbanzol	-33.51
	CDB005190	Leucopelargonidin	-33.46
	CDB000747	Cannithrene-2	-33.42
	CDB005183	Luteoforol	-33.13
	CDB005180	Chalconaringenin	-33.08
	CDB000471	γ-Muurolene	-32.78
351	CDB000555	α-Ionol	-32.57

		Denbinobin (5-hydroxy-3,7-dimethoxy-1,4-phenan-	
352	CDB000737	threnequinone)	-32.50
353	CDB000617	Isobornyl thiocyanoacetate	-32.37
354	CDB005211	Cyanidin 3-glucoside	-32.37
355	CDB004963	Rosmarinic acid	-32.28
356	CDB005041	Coniferin	-32.04
357	CDB004928	Epicatechin	-31.96
358	CDB005181	Eriodictyol	-31.61
359	CDB005218	Phytyl diphosphate	-31.48
360	CDB005189	Aromadendrin	-31.36
361	CDB000285	Octyl caproate	-31.22
362	CDB000372	Quercetin	-30.94
363	CDB37	Roughanic acid	-30.93
364	CDB004939	Naringenin	-30.66
365	CDB005192	Dattelic acid	-30.58
366	CDB000320	dihydroactinidiolide	-30.24
367	CDB005224	Farnesyl pyrophosphate	-30.22
368	CDB005193	Quercetin 3'-sulfate	-30.10
369	CDB000179	(Z)-3-Hexenyl hexanoate	-29.92
370	CDB004948	Chlorogenic acid	-29.88
371	CDB000671	Tetrahydrozoline	-29.71
372	CDB000658	Pentamethylbenzene	-29.69
373	CDB000180	Hexyl hexanoate	-29.67
374	CDB000222	Blumenol a	-29.40
375	CDB000623	lsobornyl acetate	-29.19
376	CDB000067	Pinocarvone	-29.13
377	CDB000675	Verbenone	-28.90
378	CDB000319	Dihydrovomifoliol	-28.79
379	CDB005057	cis-Melilotoside	-28.63
380	CDB000192	2-Methyl-5-(prop-1-en-2-yl)cyclohexyl acetate	-28.57
381	CDB000593	Dimethylbenzylcarbinyl acetate	-28.53
382	CDB000110	Bornyl acetate	-28.50
383	CDB000709	Linalool oxide	-28.41
384	CDB000727	1,4-Diisopropylbenzene	-28.33
385	CDB000201	β-Pinene	-28.32
386	CDB000189	Eucalyptol	-28.29
387	CDB005272	(-)-α-Pinene	-28.26
388	CDB000185	(R)-Camphor	-28.24
389	CDB000300	α-pinene	-28.18
<b>390</b>	CDB000714	trans-Pinocarveol	-28.16
391	CDB000296	Dehydro-p-cymene	-28.14
392	CDB000209	Terpinolene	-28.13
393	CDB000099	Camphene	-27.99
394	CDB004941	Myricetin	-27.97
395	CDB005273	(-)-β-Pinene	-27.91
396	CDB000084	Safranal	-27.90

397	CDB005267	2-pinen-10-ol	-27.90
	CDB000589	A3-carene	-27.87
	CDB000277	6,10-Dimethyl-2-undecanone	-27.85
400	CDB000598	Durene	-27.84
401	CDB000202	α-Pinene oxide	-27.83
402	CDB000195	(5Z)-6,10-Dimethylundeca-5,9-dien-2-one	-27.80
403	CDB000556	α-Methylcinnamaldehyde	-27.79
404	CDB000730	1,3,5-Trimethylenecycloheptane	-27.79
405	CDB000186	Car-3-ene	-27.78
406	CDB000718	Myrtenol	-27.78
407	CDB000606	Eugenyl acetate	-27.76
408	CDB000333	trans-Anethol	-27.74
409	CDB000292	Δ4-carene	-27.69
410	CDB000708	4,8-Epoxy-p-menth-1-ene	-27.65
411	CDB000640	Methyl isoeugenol	-27.62
412	CDB000462	Borneol	-27.57
413	CDB000495	Prehnitene	-27.46
414	CDB000223	O-Methyleugenol	-27.43
415	CDB000621	Linalyl acetate	-27.43
416	CDB000607	Fenchyl alcohol	-27.42
417	CDB000066	Pinocarveol	-27.41
418	CDB000719	Cuminol	-27.39
419	CDB006350	Camphene hydrate	-27.39
	CDB000732	1-Methoxy-4(1-propenyl)-benzene	-27.38
	CDB000715	1,8-Menthadien-4-ol	-27.32
	CDB000184	(-)-Isoborneol	-27.16
	CDB000582	cis-2-pinanol	-27.14
	CDB006347	Sabinene hydrate	-27.12
	CDB000655	4-Methylacetophenone	-27.06
	CDB000187	β-Cyclocitral	-27.04
	CDB000203	Rotundifolone	-26.94
	CDB000303	α-Terpinene-4-ol	-26.93
	CDB000205	(+)-cis-Sabinol	-26.92
	CDB000451	β-Fenchol	-26.92
	CDB000600	Estragole	-26.91
	CDB006349	trans-2-Pinanol	-26.89
	CDB000302	trans-Sabinene hydrate	-26.88
	CDB000558	α-Terpineol	-26.87
	CDB000298	perillene	-26.86
	CDB000304	Thujyl alcohol  (E) n Coumorio acid	-26.83
	CDB000177	(E)-p-Coumaric acid	-26.80
	CDB000194	2E-Geraniol	-26.80
	CDB000628	Isoeugenol	-26.75
	CDB000092	Carvacrol	-26.73
	CDB005270	(S)-α-Terpineol	-26.64 26.50
442	CDB000620	Limonene dioxide	-26.59

443	CDB000191	2-(4-Methylphenyl)-2-propanol	-26.57
444	CDB000779	1-(3-methylphenyl)- ethanone	-26.57
	CDB000580	Carbofuran	-26.56
446	CDB000272	Dodecanone-2	-26.55
447	CDB000786	3-(3-Hydroxyphenyl)-2-propenoic acid, methyl	-26.49
	CDB000656	4-tert-Butylphenol	-26.48
449	CDB000283	p-Ethyl benzyl acetate	-26.38
	CDB000193	1,3,3-Trimethylbicyclo[2.2.1]heptan-2-ol	-26.36
451	CDB000467	(S)-Ipsdienol	-26.36
452	CDB005269	Perillic acid	-26.31
453	CDB000293	(±)-cis-Linalyl oxide	-26.30
454	CDB000294	(±)-trans-Linalyl oxide	-26.26
455	CDB000523	3-(1-Methylethyl)-phenol methylcarbamate	-26.22
456	CDB000295	m-Mentha-1,8(9)-dien-5-ol	-26.16
457	CDB000056	Nerol	-26.11
458	CDB000070	Fenchone	-26.09
459	CDB005074	Coniferaldehyde	-26.08
460	CDB005275	(+)-Neomenthol	-26.02
461	CDB000081	Citronellol	-25.99
	CDB000055	Eugenol	-25.97
463	CDB000524	3-(3-Hydroxyphenyl)-2-propenoic acid, methyl ester	-25.96
464	CDB006346	(+)-Fenchone	-25.91
465	CDB005268	Perillyl aldehyde	-25.89
466	CDB000199	α-Phellandrene	-25.82
467	CDB000672	Thymol	-25.79
468	CDB000089	Linalool	-25.78
469	CDB005271	(-)-Limonene	-25.76
470	CDB000630	m-Cymene	-25.75
471	CDB000206	α-Thujene	-25.69
472	CDB000276	3-Decen-5-one	-25.64
473	CDB000087	Sabinene	-25.63
474	CDB000207	α-Terpinene	-25.60
475	CDB000705	<b>2,4(10)-Thujadien</b>	-25.58
476	CDB000724	1,2,3-Trimethyl-benzen	-25.58
477	CDB000587	Cuminaldehyde	-25.55
478	CDB000647	o-Cymene	-25.51
479	CDB000271	2-Undecanone	-25.49
480	CDB000659	Perillaldehyde	-25.48
481	CDB000208	γ-Terpinene	-25.47
482	CDB000456	Cis-Sabinene hydrate	-25.43
483	CDB000291	Camphenehydrate	-25.42
484	CDB000198	(E)-β-Ocimene	-25.41
485	CDB000053	Hordenine	-25.37
486	CDB000054	p-Cymene	-25.37
487	CDB000699	1-(1,3-Dimethyl-3-cyclohexen-1-yl)-ethanone	-25.34
488	CDB000093	Piperitenone	-25.32

180	CDB000485	(1R)-(+)-trans-isolimonene	-25.32
	CDB000483 CDB005039	Sinapyl alcohol	-25.32
	CDB003039 CDB000545	7-Methoxycoumarin	-25.29
	CDB000545 CDB000585	Citronellyl acetate	-25.29
	CDB000383 CDB000297	cis-β-ocimene	-25.27
	CDB000297 CDB000573	•	-25.24
	CDB000373 CDB000190	β-Myrcene Neral	
	CDB000190 CDB000299		-25.21
	CDB000299 CDB000086	Methallylbenzene Carvone	-25.21
	CDB000086 CDB000525		-25.20 -25.20
	CDB000323 CDB000069	3-Ethyl-o-xylene Limonene	-25.20
	CDB000009 CDB000592		
		Diethyl Phthalate	-25.11
	CDB000728	2,6-Diemthyl-2,6-octadiene	-25.11
	CDB000200	β-Phellandrene	-25.05
		2-Pentylfuran	-25.04
	CDB000188	1,4-Cineole	-25.02
	CDB000653	p-Aminotoluene	-24.98
	CDB000348	Pulegone	-24.95
	CDB000270	Decanone-2	-24.94
	CDB000721	3,3,6-Trimethyl-1,5-heptadiene	-24.94
	CDB000494	1,2-Diethyl-benzene	-24.84
	CDB000637	6-Methyl-3,5-heptadiene-2-one	-24.78
511	CDB000126	Phenylethylamine	-24.33
512	CDB000584	Citronellolformate	-24.28
	CDB005277	3-O-p-Coumaroylquinic acid	-24.15
	CDB000652	p-Acetanisole	-23.64
	CDB000275	(±)-2,2,6-Trimethylcyclohexanone	-23.61
	CDB000586	Cumene  Physical electrical	-23.49
	CDB000661	Phenylethyl alcohol	-23.45
	CDB005223 CDB005274	Geranyl-PP	-23.14
		(-)-Menthone	-22.85 -22.73
	CDB000204 CDB000181	p-Menth-8-en-3-one	-22.73 -22.68
521 522	CDB000181 CDB000058	Hexyl 2-methylpropanoate	-22.60
	CDB000038 CDB000096	Benzyl acetate Dihydrocarvone	-22.55
	CDB000090 CDB000517	2,2,5-Trimethylhexane	-22.53
	CDB000317 CDB000076	Nonanal	-22.32
	CDB000076 CDB000265	(S)-3-Octanol	-22.35
	CDB000203 CDB000704	3,5-Octadion-2-one	-22.24
	CDB000704 CDB000662	Piperonal	-22.24
		•	
530	CDB005152 CDB000080	4-Hydroxyphenylacetaldehyde	-22.09 -22.06
	CDB000080 CDB000121	Hexyl butyrate N-Methylnicotinate	-22.06
	CDB000121 CDB000301	Piperitone oxide	-22.02
	CDB000301 CDB000263	(R)-1-Octen-3-ol	-21.93 -21.83
334	CDB000667	Salicyladehyde	-21.63

535	CDB000388	2-Methyl-2-hepten-6-one	-21.52
536	CDB000701	6-Octen-2-one	-21.45
537	CDB000703	3-Octen-2-one	-21.37
538	CDB005279	3,4-Dihydroxyphenylacetaldehyde	-21.31
539	CDB000269	2-Methyl-2-heptene-6-one	-21.28
540	CDB000634	Methyl acetylsalicylate	-21.04
541	CDB000274	Octanone-3	-20.99
542	CDB000508	2-Hydroxyacetophenon	-20.90
543	CDB000544	5-Octanolide	-20.79
544	CDB005073	3,5-Dihydroxyanisole	-20.62
545	CDB000452	Guajol	-20.43
<b>546</b>	CDB000065	Hexyl acetate	-20.41
547	CDB000690	(E,E)-2,4-Heptadienal	-20.40
548	CDB000527	3-Hexen-1-ol-acetate	-20.39
549	CDB000074	Methyl salicylate	-20.12
<b>550</b>	CDB000638	Methyl heptanoate	-19.69
551	CDB004930	Salicylic acid	-19.57
552	CDB000507	2-Heptanone	-19.03
553	CDB000227	l-(+)-Isoleucine βine	-18.98
554	CDB000688	trans-2-Heptenal	-18.79
555	CDB000176	4-Hydroxybenzoic acid	-18.42
556	CDB004810	Gentisic acid	-18.02
557	CDB004972	Gallic acid	-17.94
558	CDB000072	Heptanal	-17.88
559	CDB000368	Quebrachitol	-17.50
<b>560</b>	CDB000612	γ-Hexalactone	-17.42
561	CDB000243	d -bornesitol	-17.35
562	CDB000590	Diacetone alcohol	-17.24
563	CDB000244	L-Quebrachitol	-15.22
564	CDB005179	Coumaroyl-CoA	-15.21
565	CDB000144	Myoinositol	-13.95
566	CDB000389	Azealic acid	-13.80
567	CDB000143	Levoinositol	-13.23
568	CDB000107	Quinic acid	-13.01

## 10. APÊNDICE B

# Etapas fundamentais da construção de membranas utilizando o "Membrane Builder" do **CHARMM-GUI.**

CHARMM-GUI

https://charmm-gui.org/?doc=input/pdbreader&step=1



CHARMM is a versatile program for atomic-level simulation of many-particle systems, particularly macromolecules of biological interest. - M. Karplus

Some lectures, job postings, and FAQ are now available. See update log for update history and giving for donation. Contact info is given below. Logout

## Bilayer Builder

**User Profile** 

PDB Info STEP 1	STEP 2         STEP 3         STEP 4         STEP 5         STEP 6         JOB ID: 3677195131				
Title SWISS-MODEL SERVER (https://swissmodel.expasy.org) CB1315Aa					
PDB ID	CBIA				
Туре	Protein				
Experimental Method	THEORITICAL MODEL				

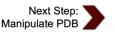
#### **Model/Chain Selection Option:**

Click on the chains you want to select.

## Residue ID

SEGID PDB ID First **Engineered Residues** Type Last Protein PROA Α 1 315 None

CHARMM-GUI uses internal segid format PRO[A-Z] (protein), DNA[A-Z] (DNA), RNA[A-Z] (RNA), and HET[A-Z] (ligands), instead of PDB chain id.





Lehigh University / Department of Biological Sciences / Department of Chemistry / Department of Bioengineering / Im Lab
Problems, Questions, & Comments? / Contact / Forum / Copyright(c) 2006-2025 by the Im Lab

1 of 1 13/01/2025, 09:38

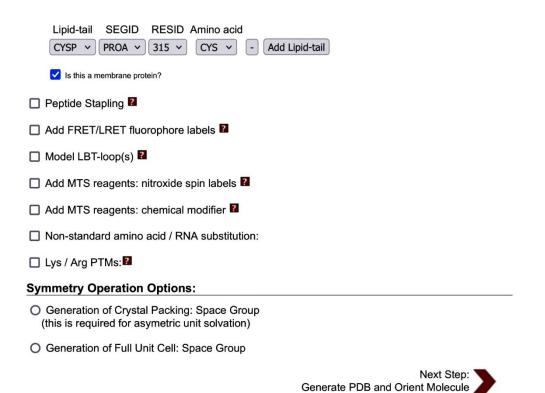


CHARMM is a versatile program for atomic-level simulation of many-particle systems, particularly macromolecules of biological interest. - M. Karplus

Some <u>lectures</u>, <u>job postings</u>, and <u>FAQ</u> are now available. See <u>update log</u> for update history and <u>giving</u> for donation. <u>Contact</u> info is given below.

Bilayer Builder						User Profile
Dealmonk this link if		to this same				
Bookmark this <u>link</u> , if y	STEP 2 STEP 3	STEP 4	STEP 5	STEP 6	JOB ID: 3677195131	
Title	SWISS-MODEL SER CB1315Aa	RVER (https:	://swissmoo	del.expasy	.org)	
PDB ID	CBIA					
Туре	Protein					
Experimental Method	THEORITICAL MOD	EL				
PDB Manipulation	Options:					
System pH: 7.4	Apply					
Terminal group pate First  PROA NTER >	ching: Last  CTER Cyclic per	ptide?				
☐ Preserve hydroger	coordinates:					
☐ Mutation:						
☐ Protonation state:						
☐ Disulfide bonds:						
☐ Phosphorylation:						
☐ Ubiquitylation / SU	MOylation:					
☐ GPI anchor:						
carefully check the output "test_disto	can Ligand(s): Add Ghition.txt* file.	Tableston especially groups	Use CHA →6)]bDGlcNA		It is faster than the regular n	in, but
☐ Heme coordination	1					
Add Lipid-tail						

#### CHARMM-GUI





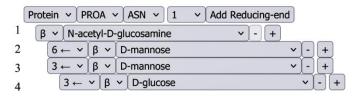
Lehigh University / Department of Biological Sciences / Department of Chemistry / Department of Bioengineering / Im Lab
Problems, Questions, & Comments? / Contact / Forum / Copyright(c) 2006-2025 by the Im Lab

Glycosylation / Glycan Ligand(s)

Upload GRS

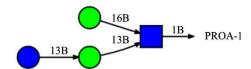
 $bDGlc(1 \rightarrow 3) bDMan(1 \rightarrow 3) [bDMan(1 \rightarrow 6)] bDGlcNAc(1 \rightarrow) PROA-1$ 

## **Glycan Sequence:**



- ☐ Chemical modification:
- ☐ Cyclic carbohydrate:

## **Sequence Graph:**







CHARMM is a versatile program for atomic-level simulation of many-particle systems, particularly macromolecules of biological interest. - M. Karplus

Some lectures, job postings, and FAQ are now available. See update log for update history and giving for donation. Contact info is given below.

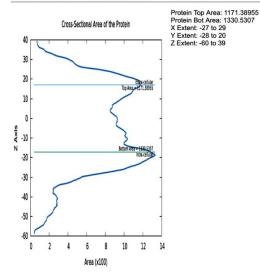
Logout

# Membrane Builder

User Profile

Bookmark this link, if you want to comeback to this page 
 PDB Info
 STEP 1
 STEP 2
 STEP 3
 STEP 4
 STEP 5
 STEP 6
 JOB ID: 3677195131
 download.tgz CHARMM PDB: step1 pdbreader.pdb (view structure) Orientation Input: step2 orient.inp Orientation Output: step2 orient.out step2 orient.pdb (view structure) (please view this structure before you move to the next Oriented PDB: Area Calculation: step2 area.str Calculate cross sectional area of the protein step2 area.plo Computed cross sectional area along Z axis Top/Bottom area of the protein step2 protein area.str

#### **Calculated Cross Sectional Area:**



## Protein Projection onto XY:

Projection of protein portions above and below the membrane surface onto the membrane surface can be performed only to exclude pseudo lipid spheres underneath the protein portion during the lipid sphere packing.

- ☐ Turn on protein projection onto XY of upper leaflet☐ Turn on protein projection onto XY of lower leaflet
- This option is not recommended to use unless it is absolutely necessary

### System Size Determination Options:

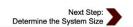
O Homogeneous Lipid "Homogeneous Lipid" option is no longer supported. You can use "Heterogeneous Lipid" option even for homogeneous lipid billayer building.

Heterogene	ous Lipid									
1. Box Type:		ılar 🗸 (Current	tly, only CHA	ARMM, NAMD,	and GROMAC	S support th	he hexagon	al box)		
2. Length of	Z based o	on:								
Water thickness 22.5 (Minimum water height on top and bottom of the system)										
<ul><li>Hydratio</li></ul>	n number	50 (Numb	er of water	molecules per o	one lipid molec	ule)				
3. Length of	XY based	on:								
O Ratios o										
<ul><li>Number</li></ul>										
(The system		the X and Y n	nust he the	same)						
(The System	i oizo dion	g the A that I h	ndot bo the	ourne)						
Show the sy	stem info	click this once	you fill the fo	ollowing table:				Calculated XY S	vstem Size:	
Lipid Type	Charge [e]	Tail Info. [sn1/sn2]	Images	# of Lipid on Upperleaflet	# of Lipid on Lowerleaflet	Surface Area		<u> </u>	Upperleaflet	Lowerleaflet
▼ Sterols								Protein Area	1171.38955	1330.5307
Cholesterol	0		[lmage]	31	34	40.0		Lipid Area # of Lipids	9752 159	9620 174
Ergosterol DPOP	0		[lmage]	0	0	40.0		Total Area	10923.38955	10950.5307
β-Sitosterol	0		[Image]	0	0	40.0		But to VE to d	20.24	
Stigmasterol	0		[lmage]	0	0	40.0		Protein X Extent Protein Y Extent	28.24 27.97	
Cholesteryl HemiSuccinate (deprotonated)			[image]	0	0	40.0		Average Area	10936.96	
Cholesteryl HemiSuccinate	0		[lmage]	0	0	40.0		A B	104.58 104.58	
(protonated) Campesterol	0		[lmage]	0	0	40.0				
Campesteryl	0		[lmage]	0	0	40.0				
Glucoside Sitosteryl	0		[lmage]	0	0	40.0				
Glucoside Stigmasteryl										
Glucoside Lanosterol	0		[lmage]	0	0	40.0				
Palmitoyl										
Campesteryl Glucoside	0		[lmage]	0	0	60.0				
Palmitoyl Sitosteryl Glucoside	0		[lmage]	0	0	60.0				
Palmitoyl Stigmasteryl Glucoside	0		[lmage]	0	0	60.0				
▶ PA (phospi	hatidic acid	d) Lipids								
▶ PC (phosp	hatidylcho	line) Lipids								
▶ PE (phospi	hatidyletha	nolamine) Lipid	s							
▶ PG (phosp	hatidylglyd	erol) Lipids								
▶ PS (phosp	hatidylseri	ne) Lipids								
▶ PP (pyroph	nosphate) l	ipids.								
▶ PI (phosph	atidylinosi	tol) Lipids								
▶ CL (cardio	lipin) Lipid:	S								
▶ DAG (diacy	ylglycerol)	Lipids 🗌 Optin	nized charge	s for DAG						
► TAG (triacy	ylglycerol)	Lipids Doptin	nized charge	s for TAG						
22.000		Victoria Victoria		limethylamino) L	ipids.					
▼ PUFA (poly PLePA	yunsaturat -1	ed fatty acid) Es 16:0 / 18:3	terified Lipid	0	0	60.0				
PLePC	0	16:0 / 18:3	[Image]	0	0	60.0				
PLePE	0	16:0 / 18:3	[Image]	0	0	60.0				
PLePG	-1	16:0 / 18:3	[Image]	0	0	60.0				
PLePS	-1	16:0 / 18:3 16:0 / 20:4	[Image]	0	0	60.0				
PAPA PAPC	-1 0	16:0 / 20:4 16:0 / 20:4	[Image]	0	0	71.1				
PAPE	0	16:0 / 20:4	[Image]	0	0	60.0				
PAPG	-1	16:0 / 20:4	[Image]	0	0	60.0				
PAPS	-1	16:0 / 20:4	[Image]	0	0	60.0				

PDoPC	0	16:0 / 22:6	[Image]	0	0	66.2
PDoPE	0	16:0 / 22:6	(Image)	0	0	60.4
YLiPG	-1	16:1 / 18:3	[Image]	0	0	60.0
DTPA	-1	16:3 / 16:3	[Image]	0	0	67.4
SLePC	0	18:0 / 18:3	[Image]	0	0	60.0
SAPA	-1	18:0 / 20:4	[Image]	0	0	66.2
SAPC	0	18:0 / 20:4	[Image]	0	0	71.1
SAPE	0	18:0 / 20:4	[Image]	0	0	64.7
SAPG	-1	18:0 / 20:4	[Image]	0	0	75.4
SAPS	-1	18:0 / 20:4	[Image]	0	0	65.9
SOdPC	0	18:0 / 22:5	[Image]	0	0	60.0
SDPA	-1	18:0 / 22:6	[Image]	0	0	66.2
SDPC	0	18:0 / 22:6	[Image]	0	0	67.2
SDPE	0	18:0 / 22:6	[Image]	0	0	63.3
SDPG	-1	18:0 / 22:6	[Image]	0	0	67.4
SDPS	-1	18:0 / 22:6	[Image]	0	0	65.3
LLPA	-1	18:2 / 18:3	[Image]	0	0	67.4
LLPC	0	18:2 / 18:3	[Image]	0	0	65.2
LLPE	0	18:2 / 18:3	[Image]	0	0	58.6
LLPG	-1	18:2 / 18:3	[Image]	0	0	60.0
LLPS	-1	18:2 / 18:3	[Image]	0	0	60.7
LYPG	-1	18:3 /16:1	[Image]	0	0	60.0
TIPA	-1	18:3 / 16:3	[Image]	0	0	67.4
DIPA	-1	18:3 / 18:3	[lmage]	0	0	67.4
SEPPC	0	19:0 / 20:5	[Image]	0	0	60.0
DAPA	-1	20:4 / 20:4	[Image]	0	0	72.8
DAPC	0	20:4 / 20:4	[Image]	0	0	76.1
DAPE	0	20:4 / 20:4	(Image)	0	0	70.0
DAPG	-1	20:4 / 20:4	[Image]	0	0	79.9
DAPS	-1	20:4 / 20:4	[Image]	0	0	71.7
DDoPC	0	22:6 / 22:6	[Image]	128	0	66.5
DDoPE	0	22:6 / 22:6	[Image]	0	140	59.0
DDoPS	-1	22:6 / 22:6	[Image]	0	0	67.4
TSPC	0	32:6 / 18:0	[Image]	0	0	67.2
ODoPC	0	18:1 / 22:6	[Image]	0	0	67
MEpPC	0	14:0 / 20:5	[Image]	0	0	67
OAPS	-1	18:1 / 20:4	[Image]	0	0	67
OAPE	0	18:1 / 20:4	[Image]	0	0	67

- ▶ SM (sphingo) and Ceramide Lipids
- ▶ Ether/Plasmalogen Lipids
- ▶ Bacterial Lipids
- ▶ Endosomal Lipids
- ▶ Ubiquinone/Ubiquinol & Archaeal Lipids
- Oxidized Lipids
- ▶ Fatty Acids
- ► Detergents
- ▶ N-acylated Amino Acids
- ▶ PEG (polyethylene glycol) Lipids
- **▶** Glycolipids
- ► LPS (lipopolysaccharides)

Note: The surface areas listed above are only suggested values. In the case of high cholesterol concentration, 10-20% smaller surface areas will be adopted as default values, which might be more reasonable and close to equilibrium lipid areas. Please refer the manuscript or the following link to list of default surface area we are using.





Lehigh University / Department of Biological Sciences / Department of Chemistry / Department of Bioengineering / Im Lab Problems, Questions, & Comments? / Contact / Forum / Copyright(c) 2006-2025 by the Im Lab



CHARMM is a versatile program for atomic-level simulation of many-particle systems, particularly macromolecules of biological interest. - M. Karplus

Some lectures, job postings, and FAQ are now available. See update log for update history and giving for donation. Contact info is

User Profile Membrane Builder

Bookmark this link	, if you want to comeback to this page				
PDB Info STEF	STEP 2 STEP 3 STEP 4	STEP 5 STEP 6	JOB ID: 3677195131		
Oriented PDB: System Size Input:	step2 orient.pdb (view structure) step3 size.inp		download.tgz		
System Size Output:	step3_size.out				
System Size:	step3_size.str				
Packing	step3_packing.inp	Packing Simulation Input			
Simulation:	step3_packing.out	Packing Simulation Output			
	crystal image.str	Crystal Image			
	step3_packing_pol.str	Topology File of Pseudo Lipid Spheres			
	step3_packing.pdb (view structure)	Generated Packed System (please view this structure before you move to the next step)			

## **Determined System Size:**

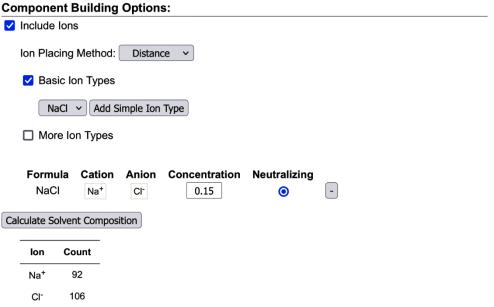
Box Type	Rectangle			
Crystal Type	TETRAGO	NAL		
System Size	Α	104.579902	Dimension along the A (X) axis	
	В	104.579902	Dimension along the B (Y) axis	
	С	143.631139	Dimension along the C (Z) axis	
Crystal Angle	Alpha	90.0	Angle between the axis B and C	
	Beta	90.0	Angle between the axis A and C	
	Gamma	90.0	Angle between the axis A and B	
# of Lipids	on Top	159		
	on Bottom	174		
Z Center	-10.5023718		Center of the system along the Z axis	
System Build	ding Option	ns:		

<ul> <li>Insertion method</li> </ul>	Build system using insertion method			
<ul> <li>Replacement method</li> </ul>	Build system using replacement method			
Check lipid ring (and protein surface) penetration				

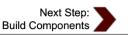
For this system, insertion method can not be used. Replacement method will be used

1 of 2 13/01/2025, 09:49

## instead.



Please note that the ion count is an approximation based on geometry. The real number will be calculated in the next step.





Lehigh University / Department of Biological Sciences / Department of Chemistry / Department of Bioengineering / Im Lab

Problems, Questions, & Comments? / Contact / Forum / Copyright(c) 2006-2025 by the Im Lab

# 11. APÊNDICE C

Conformação do receptor CB1 de *Amazona aestiva* (verde), obtida após 500 ns de simulação em membrana, sobreposta ao CB1 humano experimental (PDB: 7WV9, amarelo), que está complexado com CP55,940 (vermelho) e ZCZ011 (azul).

