

A UCS É
PRA VOCÊ
QUE CRIA O
FUTURO.



XXIX Encontro de Jovens Pesquisadores
e XI Mostra Acadêmica de Inovação e Tecnologia

De 5 a 7/10

Local: UCS - Cidade Universitária,
Caxias do Sul

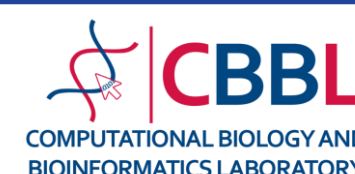
jovenspesquisadores.com.br



PIBIC-CNPq- Ensino Médio



Reconhecimento de padrões na curvatura do DNA de promotores com diferentes graus de identidade ao consenso BIO-IA



Autores: Nicole Peyrot da Silva¹ (npsilva4@ucs.br), Pedro Lenz Casa¹ (plcasa@ucs.br) e Scheila De Avila e Silva¹ (sasilva6@ucs.br)

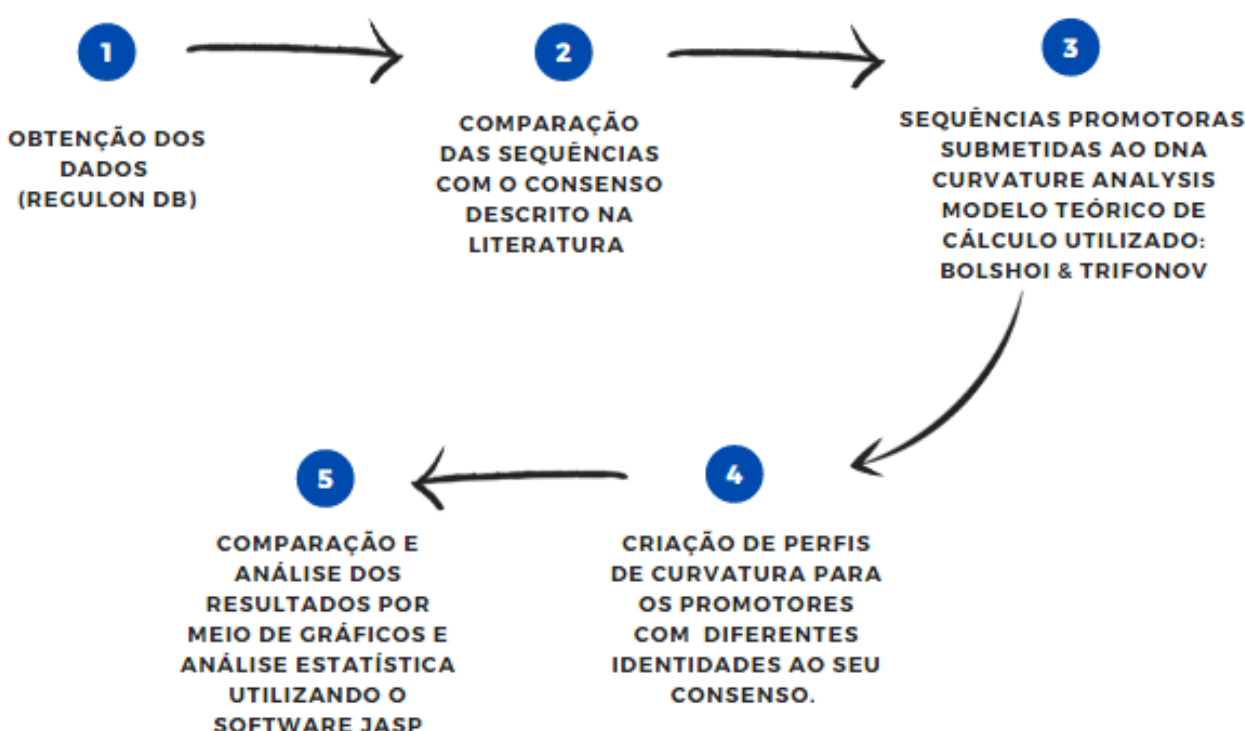
1- Núcleo de Pesquisa em Bioinformática, Instituto de Biologia, Universidade de Caxias do Sul (UCS), Caxias do Sul - RS

INTRODUÇÃO / OBJETIVO

Promotores bacterianos, considerados elementos-chave na regulação da expressão gênica, são sequências de DNA upstream do sítio de início de transcrição (TSS) de genes. Para o reconhecimento da fita promotora, os fatores sigma guiam a enzima RNA polimerase até as regiões consenso mais conservadas a -35 e -10 pares de bases (pb) upstream ao TSS. As limitações de experimentos *in vivo/in vitro* acabam trazendo o trabalho *in silico* como uma opção facilitadora antecedendo os experimentos que requerem muito tempo adicional e custos. Portanto, a pesquisa básica em bioinformática constitui uma plataforma para a melhoria de ferramentas e obtenção de melhores resultados na predição de promotores [1]. A curvatura, calculada a partir da sequência nucleotídica, representa curvas intrínsecas para a molécula de DNA e mostra-se como uma alternativa interessante na questão das melhorias nos parâmetros da predição de promotores [2]. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi analisar o perfil de curvatura entre promotores com diferentes graus de identidade ao consenso.

METODOLOGIA

Para isso, foram extraídos 3.179 promotores da bactéria *Escherichia coli* do banco de dados RegulonDB [3]. Foram calculados valores de identidade aos consensos -10 e -35, utilizando uma janela de -6 a -20pb para o -10; e -21 a -39pb para o -35. Essa informação foi convertida para uma variável categórica, estabelecendo identidades: alta, moderada ou baixa. Em seguida, foram calculados valores de curvatura para os promotores com a biblioteca DNA Curvature Analysis [4] e modelo Trifonov [2]. O programa Jasp [5] foi utilizado nas análises estatísticas, considerando $\alpha=0,05$. Aplicou-se o teste de comparação de médias de Kruskal-Wallis com post hoc de Dunn e correção de Bonferroni. Esses testes foram usados na comparação das médias de curvatura em cada posição nucleotídica entre promotores com diferentes graus de identidade ao consenso.



RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram gerados perfis de curvatura para as sequências promotoras com diferentes graus de conservação em relação ao consenso (Figura 1). Para analisar os resultados das posições da identidade ao -10, identificou-se que nenhuma (-6 ao -20pb) demonstrou diferença significativa ($p>0,05$) na média de curvatura entre os grupos de promotores. Esse achado é corroborado por outros estudos, que reportam a inexistência de uma correlação entre a propriedade de curvatura e a conservação do consenso -10 [6]. Para a identidade ao -35, notou-se que as posições de -31 a -39pb apresentaram diferença estatística significativa ($p<0,05$) de curvatura entre os grupos de promotores, que pode estar relacionado a uma predominância de sinais de curvatura em regiões upstream ao promotor central [7]. Nesse caso, os promotores com alta identidade ao consenso mostraram uma média de curvatura elevada em relação aos outros.

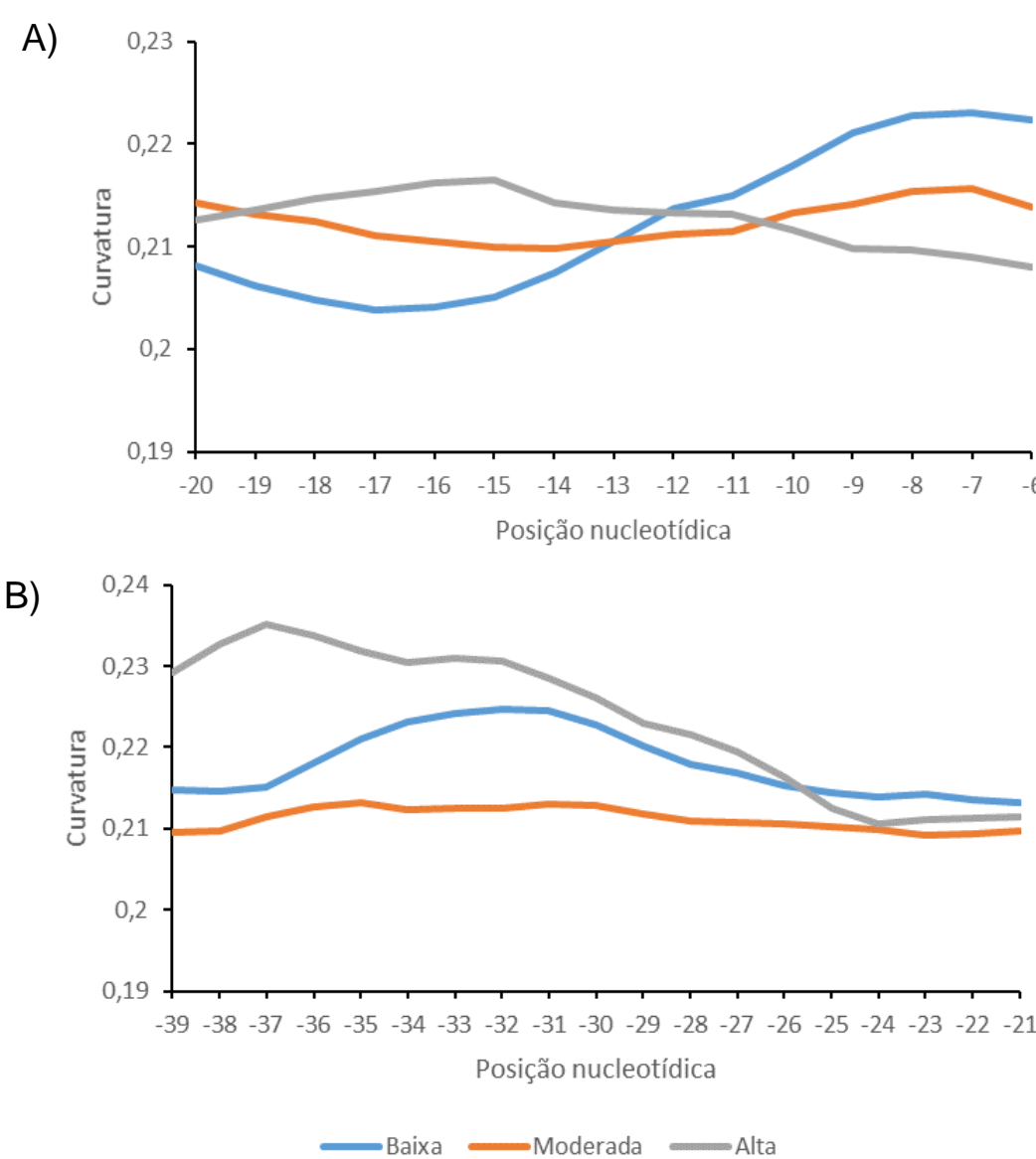


Figura 1. Perfis de curvatura para promotores com alta, média e baixa identidade aos consensos -10 (A) e -35 (B).

CONCLUSÕES

Com este estudo, podemos saber mais sobre as diferenças que os promotores podem apresentar entre si, mostrando assim, cada vez mais a importância da bioinformática para o reconhecimento e atualização dos padrões de dados já existentes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] DE AVILA E SILVA, S.; ECHEVERRIGARAY, S.. Bacterial promoter features description and their application on *E. coli* in silico prediction and recognition approaches. *Bioinformatics, InTech*, v. 1, p. 241-260, 2012.
- [2] BOLSHOY, A. et al. Curved DNA without AA: experimental estimation of all 16 DNA wedge angles. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 88, n. 6, p. 2312-2316, 1991.
- [3] SANTOS-ZAVALETA, Alberto et al. RegulonDB v 10.5: tackling challenges to unify classic and high throughput knowledge of gene regulation in *E. coli* K-12. *Nucleic acids research*, v. 47, n. D1, p. D212-D220, 2019.
- [4] GOHLKE, Christoph. DNA Curvature Analysis. v.2020.1.1., 2020. Disponível em: <https://pypi.org/project/dnacurve/>.
- [5] JASP TEAM et al. JASP. v.0.14, JASP Team: Amsterdam, Netherlands, 2020. Disponível em: <https://jasp-stats.org/>
- [6] WANG, H.; BENHAM, C. J. Promoter prediction and annotation of microbial genomes based on DNA sequence and structural responses to superhelical stress. *BMC bioinformatics*, v. 7, n. 1, p. 1-15, 2006.
- [7] BOLSHOY, A.; NEVO, E.. Ecologic genomics of DNA: upstream bending in prokaryotic promoters. *Genome Research*, v. 10, n. 8, p. 1185-1193, 2000.