



## RECONHECIMENTO DE PADRÕES NA CURVATURA DO DNA DE PROMOTORES COM DIFERENTES GRAUS DE IDENTIDADE AO CONSENSO

Nicole Peyrot da Silva (PIBIC-CNPq-Ensino Médio), Pedro Lenz Casa, Scheila de Avila e Silva (Orientador(a))

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. 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. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi analisar o perfil de curvatura entre promotores com diferentes graus de identidade ao consenso. Para isso, foram extraídos 3.179 promotores da bactéria *Escherichia coli* do banco de dados RegulonDB. 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 e modelo Trifonov. O programa Jasp 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. Ao 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. 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. Nesse caso, os promotores com alta identidade ao consenso mostraram uma média de curvatura elevada em relação aos outros.

Palavras-chave: predição de promotores, análise de curvatura, bioinformática

Apoio: UCS, CNPq