

Universidade de São Paulo Instituto de Física de São Carlos

XI Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos

Livro de Resumos

São Carlos
2021

Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos

SIFSC 11

Coordenadores

Prof. Dr. Vanderlei Salvador Bagnato

Diretor do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo

Prof. Dr. Luiz Vitor de Souza Filho

Presidente da Comissão de Pós Graduação do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo

Prof. Dr. Luís Gustavo Marcassa

Presidente da Comissão de Graduação do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo

Comissão Organizadora

Arthur Deponte Zutião

Artur Barbedo

Beatriz Kimie de Souza Ito

Beatriz Souza Castro

Carolina Salgado do Nascimento

Edgard Macena Cabral

Fernando Camargo Soares

Gabriel dos Reis Trindade

Gabriel dos Santos Araujo Pinto

Gabriel Henrique Armando Jorge

Giovanna Costa Villefort

Inara Yasmin Donda Acosta

Humberto Ribeiro de Souza

João Hiroyuki de Melo Inagaki

Kelly Naomi Matsui

Leonardo da Cruz Rea

Letícia Cerqueira Vasconcelos

Natália Carvalho Santos

Nickolas Pietro Donato Cerioni

Vinícius Pereira Pinto

Normalização e revisão – SBI/IFSC

Ana Mara Marques da Cunha Prado

Maria Cristina Cavarette Dziabas

Maria Neusa de Aguiar Azevedo

Sabrina di Salvo Mastrantonio

Ficha catalográfica elaborada pelo Serviço de Informação do IFSC

Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos
(11: 06 set. - 10 set. : 2021: São Carlos, SP.)
Livro de resumos da XI Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos/ Organizado por João H. Melo Inagaki [et al.].
São Carlos: IFSC, 2021.

412 p.

Texto em português.

1. Física. I. Inagaki, João H. de Melo, org. II. Título

ISBN 978-65-993449-3-0

CDD 530

IC26

A complexidade das espécies e a arquitetura de genes que codificam proteínas em eucariotosREIS, R.¹; KOIDE, T.²

renandosreiss@usp.br

¹Instituto de Física de São Carlos - USP²Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto - USP

Em eucariotos, os genes codificadores de proteínas possuem as sequências de nucleotídeos que codificam a informação para a síntese proteica, chamadas de éxons, intercaladas por sequências não codificantes, chamadas de íntrons, que são excluídas do mRNA pelo processo de *splicing*. (1) Essa característica adiciona um nível de complexidade extra para os genes de eucariotos, que terão uma organização interna de éxons e íntrons chamada de arquitetura do gene. (2) Estudos de genomas de fungos e metazoários apontam que algumas das características da arquitetura de genes, como alta quantidade de íntrons e alta densidade desses íntrons em pré-mRNAs, estão relacionadas com o aumento de complexidade da espécie em termos de celularidade (1-3) e, para alguns fungos, com o aumento da virulência. (3) No entanto, estes estudos tendem a ignorar espécies de protozoários. Por isso, este trabalho examina a relação entre complexidade e estilo de vida com a arquitetura de genes que codificam proteínas em 29 espécies de eucariotos, distribuídas nos clados *Metazoa*, *Fungi*, e nos clados de protistas *Amoebozoa* e *Discoba*. Foram identificadas diferentes relações entre aumento de complexidade dos organismos e características da arquitetura de genes. O aumento de celularidade das espécies é acompanhado pelo aumento de pré-mRNAs com íntrons, de quantidade de íntrons nesses pré-mRNAs e de espaço ocupado pelos íntrons nos transcritos. Particularmente em fungos, é observado que esses parâmetros também dividem os organismos em termos de estilo de vida, misturando espécies multicelulares com espécies de parasitas facultativos. Isso é visto em menor escala no gênero *Naegleria*, protozoários do clado *Discoba*, que possui espécies de vida-livre e uma espécie que pode ser parasita em humanos. Os resultados do trabalho indicam que tanto a multicelularidade quanto o estilo de vida de parasitas facultativos são diferentes expressões de complexidade relacionadas com a evolução da arquitetura dos genes nos clados de eucariotos.

Palavras-chave: Genética. Evolução molecular. Arquitetura de genes. Complexidade de eucariotos. Parasitismo.

Referências:

- 1 ROGOZIN, I. B. *et al.* Origin and evolution of spliceosomal introns. **Biology Direct**, v. 7, p. 11-1-11-28, 2012. DOI 10.1186/1745-6150-7-11.
- 2 LYNCH, M. **The origins of genome architecture**. Sunderland, MA: Sinauer Associates, 2007.
- 3 GRÜTZMANN, K. *et al.* Fungal alternative splicing is associated with multicellular complexity and virulence: a genome-wide multi-species study. **DNA Research**, v. 21, n. 1, p. 27-39, 2014. DOI 10.1093/dnares/dst038.