

LIVRO DE RESUMOS



DÉCIMA PRIMEIRA SEMANA DA
GRADUAÇÃO E PÓS-GRADUAÇÃO DO
INSTITUTO DE FÍSICA DE SÃO CARLOS - USP

2021



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

PG214

Análise da influência de elementos de transposição do clado CR1 na arquitetura do genoma do *Schistosoma mansoni*CHEROBIN, E.; ARAÚJO, A. P. U.¹

eduardo.cherobin.martins@usp.br

¹Instituto de Física de São Carlos - USP

Schistosoma mansoni é um platelminto parasitário, sendo um dos principais agente etiológicos da esquistossomose em humanos. A esquistossomose constitui hoje um grave problema de saúde pública em vários países tropicais. A doença foi reportada em 78 países e pode ser considerada endêmica em 52 deles. Em 2012, pelo menos 249 milhões de pessoas estavam em regiões endêmicas, para as quais era recomendado o emprego de tratamento preventivo. Dezenas de retrotransposons já foram descritos no genoma do *S. mansoni*, sendo os transposons do tipo não-LTR os elementos móveis mais abundantes, representando 15% do genoma. Elementos do tipo não-LTR no genoma do *S. mansoni* podem ser atribuídos aos clados CR1, R2 e RTE. Já foi previamente demonstrado que o parasito humano *Schistosoma mansoni* possui uma alta taxa transcricional de elementos de transposição e se observam expansões recentes no número destes elementos no genoma do parasito, destacando a importância destes elementos na estruturação recente deste genoma. Portanto, um maior entendimento da distribuição de elementos transponíveis no genoma do *S. mansoni* permitirá obter maiores informações sobre o papel de elementos de transposição na evolução de genomas deste ramo evolutivo. Verificamos que todos os transposons do tipo não-LTR do clado CR1 possuem tendência significativamente maior do que esperada ao acaso de se inserirem em regiões intergênicas e de forma colinear a genes que se encontram na vizinhança da inserção, sugerindo mecanismos de reconhecimento de genes durante o processo de inserção do elemento. Tal tendência não é verificada em transposons do clado RTE, sugerindo que trata-se de característica relacionada especificamente a transposons do clado CR1. Além disso, os elementos pertencentes ao clado CR1 que codificam para proteínas contendo um domínio PHD apresentam uma grande proporção dos elementos que se inserem a pequena distância do sítio de início de transcrição do gene, o que não é observado em transposons sem este domínio. Dados anteriores indicam que domínios PHD interagem com histonas com modificação H3K4me3 e que tais tipos de histona são frequentes em regiões de promoção de transcrição. Considerando estes dados sugerimos um mecanismo no qual a incorporação do domínio PHD em transposons do clado CR1 permitiu o direcionamento a esta região adjacente ao sítio de transcrição através da interação direta deste domínio com as histonas modificadas.

Palavras-chave: Bioinformática. Elementos de transposição.

Referências:

1 VENANCIO, T. M. *et al* . Bursts of transposition from non-long terminal repeat retrotransposon families of the RTE clade in *Schistosoma mansoni*. **International Journal for Parasitology** , v. 40, n. 6, p. 743-749, 2010.