

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

IC27

Conservação e evolução de sítios de splicing

REIS, R.¹; KOIDE, T.²

renandosreiss@usp.br

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

Íntrons spliceossomais são sequências de nucleotídeos que interrompem genes de eucariotos. Eles são removidos do pré-mRNA pela ação de uma complexa maquinaria molecular chamada de spliceossomo, em um processo chamado de *splicing*. (1) Para o início do *splicing* o spliceossomo deve reconhecer dois sítios presentes nas fronteiras dos íntrons, os sítios de *splice* 5' (5'ss) e 3' (3'ss). (1) No entanto, estes reconhecimentos não são tarefas simples para o spliceossomo, o qual deve diferenciar sítios falsos dos reais, que tendem a ser degenerados. (1-3) Muito do que se sabe sobre esses sítios foi obtido por pesquisas em plantas, fungos e animais, porém questões como as suas origens, estruturas fundamentais e evoluções exigem estudos mais amplos, incluindo espécies dos mais variados ramos filogenéticos dos eucariotos. (2,3) Neste trabalho, os sítios 5'ss e 3'ss dos íntrons de 29 espécies de clados de metazoários, fungos e protozoários foram estudados via análises de conteúdo de informação de sinais biológicos (calculado via entropia Shannon) e análises de motivos consenso. (2-3) Os resultados mostram uma forte correlação negativa entre o conteúdo de informação do sítio 5'ss e a quantidade de íntrons no genoma. Além disso, se observa alta conservação entre as espécies tanto das sequências consenso dos sítios quanto dos motivos mais frequentes encontrados neles, mostrando que a sua conservação atinge não só o padrão global de reconhecimento, mas também padrões específicos espalhados nos íntrons. Por fim, também foi possível identificar como esses sítios se adaptam a fatores estruturais dos íntrons em que residem, como tamanho e conteúdo GC. Esses resultados em conjunto com a literatura apontam para uma evolução muito maleável de sítios de *splicing* por toda a história evolutiva dos eucariotos, dirigida, entre outros fatores, pela quantidade de íntrons nos organismos, pelas características desses íntrons e por mutações no spliceossomo. (2-3)

Palavras-chave: Genética. Evolução molecular. Íntrons. Splicing. Sítios de splicing.

Referências:

- 1 KOONIN, E. V.; CSUROS, M.; ROGOZIN, I. B. Whence genes in pieces: reconstruction of the exon-intron gene structures of the last eukaryotic common ancestor and other ancestral eukaryotes. **WIREs RNA**, v. 4, n. 1, p. 93-105, 2013. DOI 10.1002/wrna.1143.
- 2 IRIMIA, M.; PENNY, D.; ROY, S. W. Coevolution of genomic intron number and splice sites. **Trends in Genetics**, v. 23, n. 7, p. 321-325, 2007. DOI 10.1016/j.tig.2007.04.001.
- 3 SCHWARTZ, S. *et al.* Large-scale comparative analysis of splicing signals and their corresponding splicing factors in eukaryotes. **Genome Research**, v. 18, p. 88-103, Nov. 2007. DOI 10.1101/gr.6818908.