

11ª Mostra Científica

Pesquisa, Pós Graduação e Extensão

UN
UNESC

NCRNAS NAS REGIÕES INTERGÊNICAS DO GENOMA DA RICKETTSIA RICKETTSII: UMA ANÁLISE COMPUTACIONAL

Victor Hugo Ovani Marchetti¹, Vívian D'Afonseca Ferreira², Rafael Mazioli Barcelos³

¹Graduando em Medicina - UNESC; ²Doutora em Oncologia, Pesquisadora - Universidad Católica del Maule; ³Doutor em Bioquímica Agrícola, Professor do curso de Medicina - UNESC / victormarchetti.medicina@gmail.com; maziolirb@gmail.com

INTRODUÇÃO

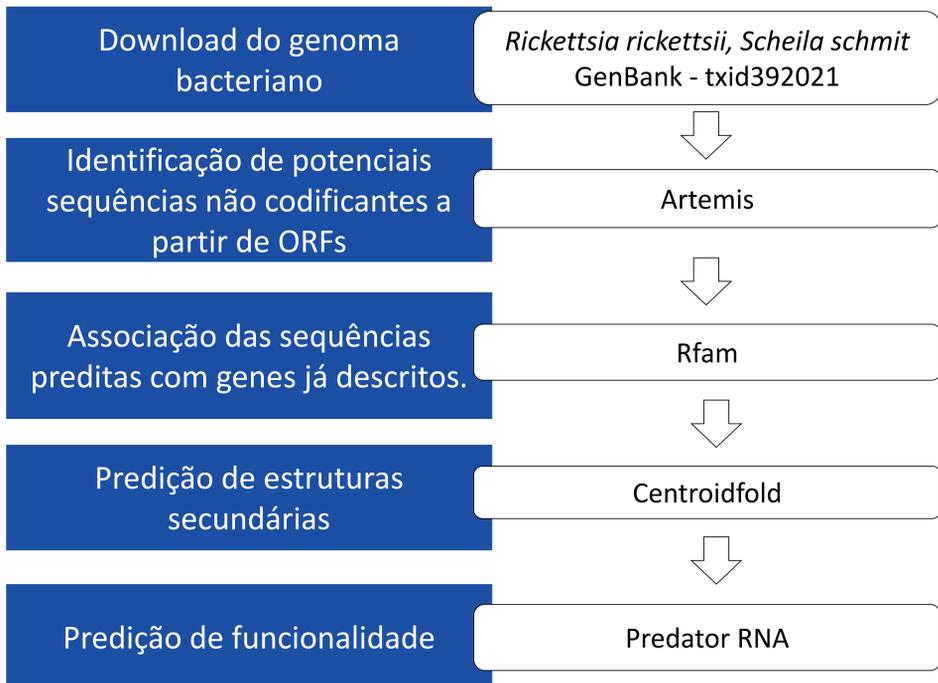
Os ncRNAs (RNAs não codificantes) atuam pós-transcricionalmente e modulam genes-alvo. *Rickettsia rickettsii* é uma α -proteobacteria, causadora da febre maculosa, que afeta artrópodes e mamíferos. Em estudos recentes, identificou-se influência de ncRNAs da *R. rickettsii* na expressão gênica do hospedeiro infectado.

OBJETIVO

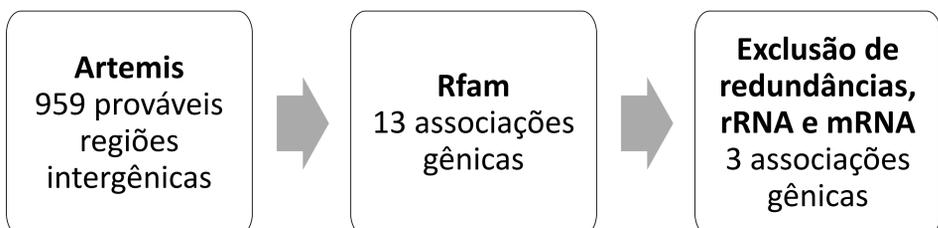
O objetivo deste estudo é identificar ncRNAs nas regiões intergênicas do genoma da bactéria *R. rickettsii* 'Sheila Smith', prever suas estruturas secundárias e funções.

METODOLOGIA

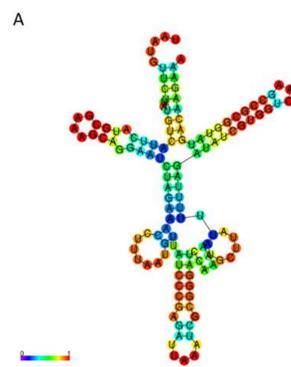
Delineamento: Estudo *in silico*.



RESULTADOS/DISCUSSÃO

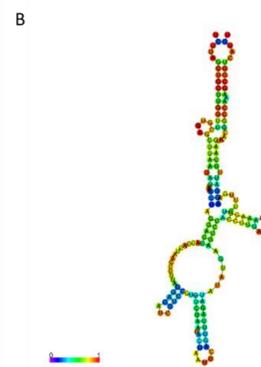


Rickettsia rpsL leader



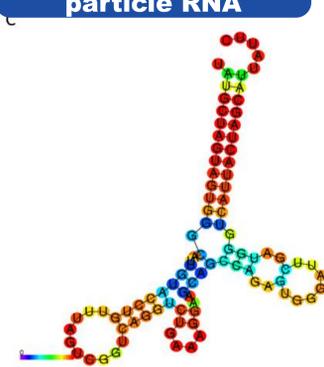
Interação: A1G_03485 - thioredoxin reductase A1G
Função: Catalisa a oxidação de NADPH em mamíferos.
Energia: -31,30 KJ/mol (Hutson, 2001)

6S



Interação: A1G_00975 - "succinate dehydrogenase hydrophobic membrane anchor protein A1G"
Função: Cadeia transportadora de elétrons
Energia: -18,28 KJ/mol (Burger et al., 1996)

Bacterial small signal recognition particle RNA



Interação: A1G_04760 - "cell Division MraZ"
Função: Regula a transcrição gênica e replicação celular.
Energia: -13,89 KJ/mol (Eraso et al., 2014)

CONCLUSÃO

Essas descobertas aprofundam nosso conhecimento sobre a *Rickettsia rickettsii* e sobre como RNAs não codificantes poderiam participar da regulação da expressão de certos genes, além de trazer maior entendimento sobre sua função biológica e patogenicidade, e fornecem insights valiosos para futuras pesquisas e estratégias terapêuticas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Burger, G., Lang, B. F., Reith, M., & Gray, M. W. (1996). Genes encoding the same three subunits of respiratory complex II are present in the mitochondrial DNA of two phylogenetically distant eukaryotes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 93(6), 2328–2332. <https://doi.org/10.1073/pnas.93.6.2328>
- Eraso, J. M., Markillie, L. M., Mitchell, H. D., Taylor, R. C., Orr, G., & Margolin, W. (2014). The highly conserved MraZ protein is a transcriptional regulator in *Escherichia coli*. *Journal of Bacteriology*, 196(11), 2053–2066. <https://doi.org/10.1128/JB.01370-13>
- Hutson, S. (2001). Structure and function of branched chain aminotransferases (pp. 175–206). [https://doi.org/10.1016/S0079-6603\(01\)70017-7](https://doi.org/10.1016/S0079-6603(01)70017-7)