

# Identificação de sequências promotoras e terminadoras preditas no genoma de *Mycoplasma hyopneumoniae* e sua influência na transcrição gênica

Gabriela Merker Breyer<sup>1</sup> e Irene Silveira Schrank<sup>2</sup>

1. Iniciação Científica, Biotecnologia Molecular, UFRGS

2. Orientadora, Departamento de Biologia Molecular e Biotecnologia, Centro de Biotecnologia, UFRGS

## Introdução

*Mycoplasma hyopneumoniae* é uma bactéria caracterizada pela ausência de parede celular e genoma de tamanho diminuto. Em trabalhos anteriores, nosso grupo realizou predições de promotores<sup>[1]</sup> e terminadores<sup>[2]</sup> transcricionais, e determinou que o genoma deste organismo está organizado em unidades transcricionais (UTs)<sup>[3]</sup>. Tais resultados sugerem a existência de elementos reguladores internos às UTs, e sua possível influência na transcrição gênica.

## Objetivo

Avaliar a influência das sequências promotoras e terminadoras preditas *in silico* na transcrição gênica de *M. hyopneumoniae*, considerando a organização em UTs, em diferentes condições de cultivo.

## Metodologia

Para confirmar a indução das condições de cultivo em estresse térmico e oxidativo, 9 genes diferencialmente expressos nestas condições foram analisados através de RT-qPCR. Para verificar a influência dos promotores e terminadores preditos anteriormente na transcrição de genes de uma mesma UT, 5 unidades foram analisadas, completa ou parcialmente, através de RT-qPCR (Figura 1).



Fig. 1 Fluxograma da metodologia empregada para análise da expressão gênica de alvos específicos.

## Resultados e Discussão

Foi observada expressão diferencial de 5 genes na condição de estresse térmico (*glpF*, *glpK*, *dnaJ*, *oppC* e *dnaK*), e de 3 genes na condição de estresse oxidativo (*glpK*, *dnaK* e *ftsY*) (Figura 2A). Na UT 62, sem elementos internos preditos, não foi observada diferença entre os níveis de expressão relativa dos genes testados (Figura 2B), e na UT 7, com elementos reguladores preditos, foi observada diferença entre os níveis de expressão dos genes testados (Figura 2C).

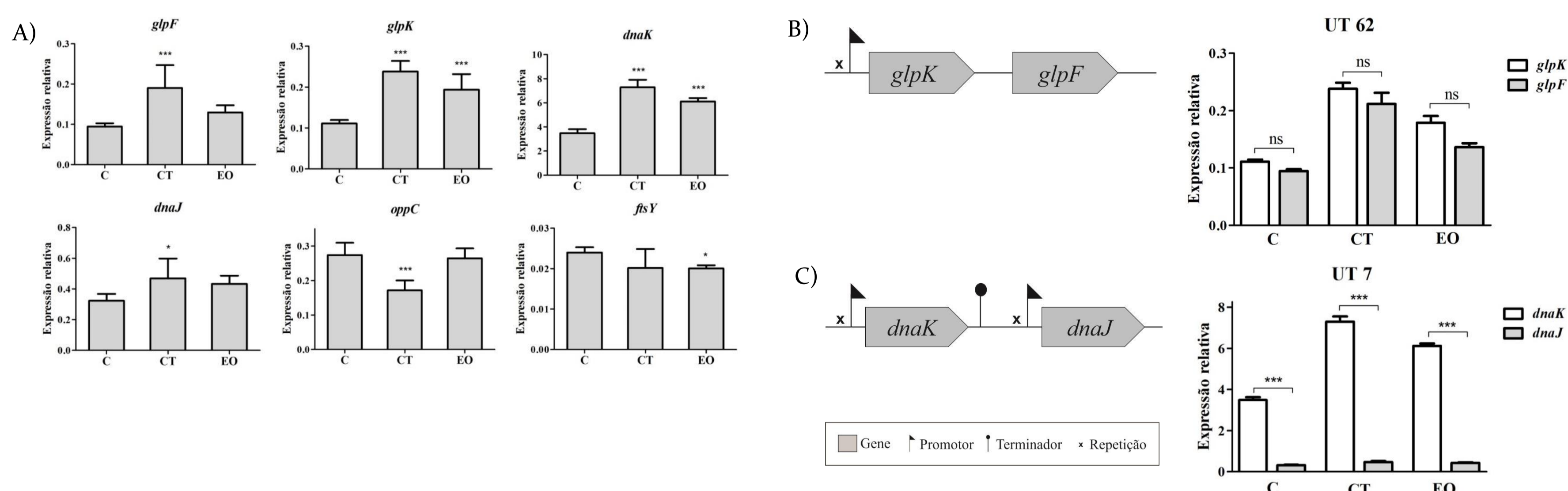


Fig. 2 A) Expressão relativa dos genes confirmatórios das condições de estresse. B) Comparação da expressão relativa de genes da UT 62 (sem elementos reguladores internos) e, C) da UT 7 (com elementos internos).

## Conclusão

Os resultados obtidos neste trabalho permitem confirmar a indução das condições de cultivo em estresse através da metodologia utilizada, bem como determinar o perfil transcricional dos genes alvo nas três condições de cultivo analisadas. Além disso, a comparação do perfil transcricional de genes de uma mesma unidade permite sugerir a influência de promotores e terminadores internos na transcrição em *M. hyopneumoniae*.

## Referência Bibliográfica

[1] WEBER, S. S.; SANT'ANNA, F. H.; SCHRANK, I. S. Unveiling *Mycoplasma hyopneumoniae* promoters: sequence definition and genomic distribution. DNA Research, 2012.

[2] FRITSCH, T. E.; SIQUEIRA, F. M.; SCHRANK, I. S. Intrinsic terminators in *Mycoplasma hyopneumoniae* transcription. BMC Genomics, 2015.

[3] SIQUEIRA, F. M.; SCHRANK, A.; SCHRANK, I. S. *Mycoplasma hyopneumoniae* transcription unit organization: genome survey and prediction. DNA Research, 2011.

## Apoio:

