

XII Congresso
Fluminense
de Iniciação Científica
e Tecnológica



V Congresso
Fluminense
de Pós-Graduação

Ciência para o Desenvolvimento Sustentável

Caracterização de RNAs longos não codificantes (lncRNAs) em milho submetido a colonização pela bactéria endofítica diazotrófica *Herbaspirillum seropedicae* e adição de ácido húmico

Leandro de Oliveira Silva, Lucas Maciel Vieira, Maria Emilia M. T. Walter, Thiago Venâncio, Fábio Lopes Olivares, Clícia Grativol

O milho (*Zea mays*) é uma das mais importantes culturas de cereais, empregado na alimentação humana e animal e na produção de bioenergia. Para otimizar seu cultivo é possível utilizar bactérias diazotróficas e promotoras de crescimento. Contudo, a complexa relação planta-bactéria benéfica ainda não foi completamente elucidada. Neste contexto os RNAs não codificadores de proteínas (ncRNAs), como os pequenos RNAs, têm demonstrado exercerem importantes papéis na regulação gênica durante a colonização. Outra classe de RNAs não codificadores de proteínas, os RNAs longos não codificantes (lncRNAs), têm sido relacionados à regulação de diferentes processos biológicos. Apesar disso, até o presente momento, não foram publicados trabalhos que mostrem a participação de lncRNAs de plantas em relação simbiótica com microorganismos benéficos. Assim, este trabalho tem como objetivo caracterizar, por meio de análises de bioinformática, lncRNAs expressos em milho submetido a colonização por bactérias diazotróficas *Herbaspirillum seropedicae* e *Azospirillum brasilense*. Bibliotecas de RNA-seq de milho submetido a colonização pelas bactérias serão utilizadas para a identificação e caracterização dos lncRNAs novos e dos já conhecidos. Um pipeline baseado em SVM (do inglês, *support vector machine*) será construído para a predição de novos lncRNAs em milho. A expressão diferencial dos lncRNAs será calculada por meio do software HISAT2. Os genes-alvo dos lncRNAs serão preditos computacionalmente, e caracterizados por análises de Gene Ontology (GO) e Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG). Mecanismos de splicing alternativo serão verificados por meio do software rMATS. As estruturas dos lncRNAs de milho serão preditas por meio do programa RNAstructure. Os lncRNAs identificados serão mapeados em bibliotecas públicas de miRNAs e avaliados quanto a constituírem seus potenciais alvos por meio do programa TargetFinder e validados por meio de bibliotecas de degradoma. Será construída uma rede da interação lncRNA-miRNA com o uso dos lncRNAs identificados e miRNAs conhecidos de milho. O levantamento bibliográfico inicial permitiu identificar 8 trabalhos e dois bancos de dados (CANTATA e GreeNC), dos quais foram obtidos 124.739 diferentes lncRNAs. Os lncRNAs foram utilizados para a construção de um banco de sequências, o qual será empregado para o cálculo de expressão diferencial entre diferentes bibliotecas de RNA-seq de milho. Espera-se, com este trabalho, contribuir para uma maior compreensão dos papéis desempenhados pelos lncRNAs, uma vez que estas moléculas têm sido descritas como reguladoras dos mais diversos processos biológicos.