

XU Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de Iniciação Científica da UENF

20^o

Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

16^a

Jornada de Iniciação Científica da UFF



U III Congresso Fluminense de Pós-Graduação

23^a

Mostra de Pós-Graduação da UENF

8^a

Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

8^a

Mostra de Pós-Graduação da UFF

ANÁLISE DA EXPRESSÃO DE microRNAs DURANTE A GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *Glycine max* (L.) MERRILL SUBMETIDAS A ESTRESSES ABIÓTICOS

Paula Machado de Araújo, Clícia Grativol Gaspar de Matos

A germinação de sementes se caracteriza pela protusão do eixo embrionário através do tegumento. Esse processo é crucial para a produção de grãos de relevante valor nutricional e econômico, assim como para a multiplicação de espermatófitas. A germinação pode ser influenciada por condições ambientais, como disponibilidade de água e salinidade do solo. MicroRNAs (miRNAs) são RNAs não-codificadores que regulam a expressão gênica, podendo clivar RNAs mensageiros-alvo e inibir a tradução. A desregulação de miRNAs pode comprometer o processo germinativo e, conseqüentemente, o crescimento da plântula na pós-germinação. Esse trabalho visa analisar o perfil de expressão de miRNAs envolvidos com a germinação de sementes de soja (*Glycine max*) em condições de estresse osmótico e salino. Inicialmente, as sementes das cultivares BR-16 (sensível à seca) e Embrapa 48 (tolerante à seca) foram desinfestadas com hipoclorito de sódio a 2% e tratadas com NaCl e manitol nas concentrações de 100 mM e 300 mM, respectivamente. As sementes tratadas e não-tratadas foram germinadas em B.O.D. a 28 °C, sem fotoperíodo. Com 30 horas após a embebição (HAE), as radículas foram seccionadas manualmente para extração do RNA total utilizando o reagente Trizol (Invitrogen). A quantificação de RNA foi feita em espectrofotômetro NanoDrop (Thermo Fisher Scientific). Os perfis de expressão de 15 miRNAs relacionados com estresses abióticos foram avaliados por RT-qPCR, utilizando o equipamento Step One (Applied Biosystems). Os dados obtidos foram submetidos ao Teste t com significância de 95% ($P < 0,05$), no programa GraphPad Prism. Dentre os miRNAs com diferença significativa de expressão entre os tratamentos e o controle, o miR168 apresentou um nível de expressão significativamente maior em radículas da cultivar BR-16 tratadas com NaCl e manitol. Já na cultivar Embrapa 48, o miR168 exibiu expressão significativamente menor nos dois tratamentos. Após, foram aplicados 1 μ g e 5 μ g do miR168 maduro em sementes da cultivar Embrapa 48 em 0 HAE. Com 30 HAE, foi feita extração e quantificação de RNA, RT-qPCR, e teste estatístico. As sementes tratadas com miR168 maduro apresentaram a expressão do miR168 significativamente maior que as sementes controle. Após análise fenotípica, foi visto que as sementes tratadas com miR168 maduro obtiveram maior área do eixo embrionário em relação ao controle. Os resultados dessa pesquisa podem ajudar a elucidar o papel do miRNAs durante a germinação da soja submetida a estresses abióticos. A obtenção do perfil de expressão de miRNAs em condições de estresse pode auxiliar no desenvolvimento de estratégias que contribuam para a tolerância a estresses abióticos em plantas.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF

Eixo temático: Biociências e Biotecnologia

Fomento da bolsa (quando aplicável): UENF

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o

Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a

Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



U III Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

ANALYSIS OF microRNA EXPRESSION DURING GERMINATION OF *Glycine max* (L.) MERRILL SEEDS UNDER ABIOTIC STRESSES

Paula Machado de Araújo, Clícia Grativol Gaspar de Matos

Seed germination is characterized by the protrusion of the embryonic axis through the seed coat. This process is crucial to producing grains of relevant nutritional and economic value, as well as for the multiplication of spermatophytes. Germination can be influenced by environmental conditions, such as water availability and soil salinity. MicroRNAs (miRNAs) are non-coding RNAs that regulate gene expression, being able to cleave target messenger RNAs and inhibit translation. The deregulation of miRNAs can compromise the germination process and, consequently, the growth of seedlings in the post-germination period. This work aims to analyze the expression profile of miRNAs involved in the germination of soybean seeds (*Glycine max*) under osmotic and saline stress conditions. Initially, the seeds of cultivars BR-16 (drought-sensitive) and Embrapa 48 (drought-tolerant) were disinfested with 2% sodium hypochlorite and treated with NaCl and mannitol at concentrations of 100 mM and 300 mM, respectively. Treated and untreated seeds were germinated in B.O.D. at 28 °C, without photoperiod. With 30 hours after imbibition (HAI), the radicles were manually sectioned for total RNA extraction using the Trizol reagent (Invitrogen). RNA quantification was performed using a NanoDrop spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific). The expression profiles of 15 miRNAs related to abiotic stresses were evaluated by RT-qPCR, using the Step One equipment (Applied Biosystems). The data obtained were submitted to the t-Test with a significance level of 95% ($P < 0.05$), in the GraphPad Prism program. Among the miRNAs that showed a significant difference in expression between the treatments and the control, miR168 exhibited significantly higher expression levels in the radicles of cultivar BR-16 treated with NaCl and mannitol. In the cultivar Embrapa 48, miR168 showed significantly lower expression levels in both treatments. Subsequently, 1 µg and 5 µg of mature miR168 were applied to seeds of the Embrapa 48 cultivar in 0 HAI. With 30 HAI, RNA extraction and quantification, RT-qPCR, and statistical test were performed. Seeds treated with mature miR168 showed significantly higher expression of miR168 compared to control seeds. Phenotypic analysis revealed that seeds treated with mature miR168 exhibited a larger area of the embryonic axis in relation to the control. The results of this research may help to elucidate the role of miRNAs during soybean germination subjected to abiotic stresses. Obtaining the expression profile of miRNAs under stress conditions can contribute to the development of strategies that enhance tolerance to abiotic stresses in plants.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

