



ANÁLISE DE MICROPEPTÍDEOS (miPEPs) RELACIONADOS AOS PRECURSORES DE miRNAs NO GENOMA DE SOJA

Paula Machado de Araújo, Sara Sangi Miranda, Paulo Cavalcanti Gomes Ferreira, Clícia Grativol

A soja (*Glycine max*) possui grande relevância na economia brasileira, representando uma das maiores fontes de proteína na dieta humana. O aumento da produção desta leguminosa tem sido objeto de várias pesquisas nos últimos anos. MiRNAs atuam como reguladores da expressão gênica e estão envolvidos com os vários estágios de desenvolvimento da planta. Recentemente, um estudo mostrou que os transcritos primários de miRNAs codificam micropeptídeos (miPEPs) capazes de aumentar a transcrição de seu miRNA associado. O grupo demonstrou que a adição de miPEPs sintéticos em plantas levou a uma maior expressão dos miRNAs associados e à clivagem dos seus genes alvo. Assim, o presente trabalho tem como objetivo caracterizar miPEPs derivados de ORFs de genes precursores de miRNAs em soja. A metodologia compreende análises computacionais para a identificação de miPEPs relacionados a miRNAs no genoma desta leguminosa. Primeiramente, selecionamos o miR171b de *Medicago truncatula* – mtr, que já possuía previamente um miPEP identificado em seu precursor. A sequência do miRNA maduro foi alinhada contra miRNAs maduros de soja no banco de dados miRBase. Foram selecionadas quatro isoformas de miR171 com melhor alinhamento. A região genômica contendo o precursor de cada isoforma foi obtida no Phytozome. Estas regiões foram submetidas à predição de ORF com parâmetros padrão no ORFfinder, do NCBI. As ORFs preditas mais próximas do precursor de cada miRNA foram selecionadas para a tradução do peptídeo. O número de ORFs previstas variou de um para miR171n, p, t, à três para o miR171m. Os peptídeos traduzidos de cada ORF foram alinhados com o miPEP derivado do mtr-miR171b através do software M-coffee. Usando o WebLogo, observamos dois resíduos de aminoácidos conservados – leucina e lisina – em posições específicas em ORFs do miR171 de soja e mtr-miR171b. Outras análises serão realizadas para identificar ORFs que codificam miPEPs em diferentes famílias de miRNAs em soja. A identificação de miPEPs envolvidos com o aumento da expressão de miRNAs pode contribuir com o desenvolvimento de uma estratégia alternativa para aumentar a produção de leguminosas com grande valor agrônomo.

Palavras-chave: miRNAs, miPEPs, soja.

Instituição de fomento: FAPERJ.