

22^o Encontro de
Iniciação Científica
da UENF14^o Circuito de
Iniciação Científica
do IFFluminense10^a Jornada de
Iniciação Científica
da UFF

IX

Congresso
Fluminense de
Iniciação Científica e
Tecnológica

II

Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação17^a Mostra de
Pós-Graduação
da UENF2^a Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense2^a Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

Ciência, tecnologia e inovação no Brasil: desafios e transformações

IDENTIFICAÇÃO DE GENES ASSOCIADOS À REGULAÇÃO EPIGENÉTICA EM CANA-DE-AÇÚCAR

Walaci da Silva Santos, Paulo Cavalcanti Gomes Ferreira, Clícia Grativol

Epigenética é uma área da genômica que envolve o estudo de mudanças na molécula de DNA que não alteram a sequência de nucleotídeos. Os principais mecanismos epigenéticos que atuam na regulação de genes e regiões repetitivas são as modificações de histonas, metilação do DNA e vias de pequenos RNAs. Considerando que os estudos envolvendo a caracterização de famílias de genes relacionadas a esses mecanismos são escassos na cana-de-açúcar, o objetivo deste trabalho é identificar os genes envolvidos na metilação do DNA e na via do sRNA nesta planta. Primeiramente selecionamos proteínas de *Arabidopsis thaliana* e *Sorghum bicolor* previamente anotadas nessas vias para servir de referência para a anotação de genes em cana-de-açúcar. Foram selecionadas quatro proteínas relacionadas à metilação do DNA em *Arabidopsis* (MET1, CMT3, DRM2 e DME). Para a via de sRNAs, duas proteínas RDR2, quatro proteínas do tipo Dicer e seis proteínas Argonautas foram selecionadas em sorgo. Foram consultados três bancos de dados para obtenção das sequências: TAIR, Plaza e Phytozome. Os alinhamentos obtidos com proteínas de sorgo e *Arabidopsis* contra o genoma da cana-de-açúcar (disponível no link lbmp.bioqmed.ufrj.br), mostraram 20 scaffolds como melhores hits. Esses scaffolds foram submetidos ao programa FGENESH para predição da estrutura gênica. Também realizamos alinhamentos entre as proteínas de sorgo com bancos de transcriptomas de cana-de-açúcar. Esta análise revelou a presença de um transcrito DRM2; dois transcritos de MET1, CMT3, DME, RDR2 e AGO4; e quatro transcritos AGO1 e DCL na cultivar de cana-de-açúcar SP70-1143. A ferramenta de tradução ExPasy foi utilizada para prever as sequências de aminoácidos desses transcritos. A análise filogenética de genes de metilação do DNA e da via de pequenos RNAs de *Arabidopsis*, sorgo e cana-de-açúcar mostrou uma grande similaridade entre as proteínas das mesmas famílias. Outras análises serão realizadas para identificar as isoformas de mRNAs com splicing e também a presença desses genes em espécies selvagens e cultivares de cana-de-açúcar. Esses resultados poderão contribuir para o conhecimento da estrutura e evolução dos genes relacionados à metilação do DNA e via de pequenos RNAs no genoma da cana-de-açúcar.

Palavras-chave: Epigenética; Anotação de genes; Cana-de-açúcar

Instituição de fomento: CNPq