



Análise *in silico* de genes envolvidos nas vias de metilação do DNA e de pequenos RNAs em cana-de-açúcar

Wálaci da Silva Santos; Paulo Cavalcanti Gomes Ferreira; Clícia Grativol

Metilação do DNA e a via de pequenos RNAs são mecanismos epigenéticos que atuam na regulação de genes e regiões repetitivas do genoma e, têm sido amplamente caracterizados em diversas plantas nos últimos anos. Entretanto, os estudos envolvendo a identificação de famílias de genes relacionadas a esses mecanismos ainda são escassos em cana-de-açúcar. Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar genes envolvidos na metilação do DNA e na via de sRNAs no genoma e transcriptomas de cana-de-açúcar. Primeiramente, foram selecionadas proteínas de *Arabidopsis thaliana* e *Sorghum bicolor* previamente anotadas que poderiam servir como referência para a anotação de genes em cana-de-açúcar. Quatro proteínas relacionadas à metilação do DNA foram selecionadas em *Arabidopsis* (MET1, CMT3, DRM2 e DME). Para a via sRNA, duas proteínas RDR2, quatro proteínas DCL e seis proteínas Argonauta foram selecionadas em sorgo. A identificação de sequências similares a essas proteínas na montagem genômica de cana-de-açúcar revelou 20 *scaffolds*, que tiveram suas estruturas gênicas preditas. Além disso, foram também analisados bancos de transcriptomas. Nesta última análise, identificamos dois transcritos de MET1, CMT3, DME, RDR2 e AGO4, quatro transcritos AGO1 e DCL em cana-de-açúcar. A análise dos transcritos de MET1 de diferentes cultivares de cana-de-açúcar mostrou mutações não-sinônimas no domínio *Methylase* da MET1. Em uma análise de expressão, observamos que os genes envolvidos com a metilação do DNA e via de sRNAs foram reprimidos quando a cana de açúcar se encontra submetida a um patógeno. A análise filogenética de proteínas preditas mostrou uma grande conservação dos domínios proteicos entre *Arabidopsis*, sorgo e cana-de-açúcar, sendo observada uma possível expansão de algumas famílias desses genes em monocotiledôneas. Na família Argonauta foi observada uma redução do número de representantes gênicos em cana-de-açúcar (sete), quando comparado com *Arabidopsis* que possui dez famílias, sugerindo uma possível sobreposição de função dessas proteínas em cana-de-açúcar. Esses resultados contribuem para o conhecimento da estrutura e evolução dos genes envolvidos na regulação epigenética em cana-de-açúcar.

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

Instituição de fomento UENF, CNPq