



## Identificação genômica e análise da conservação de genes da família CLASSY envolvidos com a via de metilação do DNA dirigida por RNA (RdDM) em soja e milho

*Jéssica Faria, Geovanna Vitória Olimpio de Paulo, Fernanda Silva Coelho, Clícia Grativol*

A metilação do DNA dirigida por RNA (RdDM) é uma via epigenética, que atua na remodelagem da cromatina via síntese de pequenos RNAs, principalmente em regiões de elementos transponíveis. O padrão de metilação global do DNA pode ser regulado por uma família que controla a remodelagem da cromatina e atua na regulação locus-específica da metilação do DNA que é representada pela família CLASSY 1-4 em *Arabidopsis thaliana*. Considerando que não existem estudos sobre o papel dos genes da família CLASSY 1-4 (CLSY) na regulação da metilação do DNA em soja e em milho, o objetivo deste trabalho é identificar e comparar a conservação do gene CLSY 1-4 em ambas as espécies. Foram identificados 19 e 12 genes CLSY1-4 no genoma de soja e milho, respectivamente no banco de dados Phytozome. O tamanho dos genes foi bem variável em soja (3.769 a 45.572 pb) e milho (4.056 a 21.706 pb). Em todas as sequências de proteínas oriundas desses genes foram encontrados os domínios CLSY característicos (SNF2 e Helicase). Posteriormente, analisamos a conservação entre as sequências completas das proteínas CLSY 1-4 entre *Arabidopsis*, milho e soja na ferramenta Circolleto. As proteínas CLSY de *Arabidopsis* apresentaram similaridade de 22% e 52% com seus ortólogos em soja e milho. Há uma maior cobertura de alinhamento das proteínas completas CLSY 1 e CLSY 2 entre *Arabidopsis* e soja do que em milho. Entretanto, as proteínas CLSY 3 e CLSY 4 apresentam maior porcentagem de similaridade com soja e milho. Esses resultados sugerem que essas proteínas em soja e milho podem desempenhar a mesma função de *Arabidopsis*. Os dados obtidos até o momento podem ajudar a esclarecer o papel funcional desempenhado pelas CLSY no genoma de soja e milho.

*Instituição do Programa de IC, IT ou PG: Universidade Estadual do Norte Fluminense  
Fomento da bolsa (quando aplicável):*



## Genomic identification and conservation analysis of the CLASSY family involved with the RNA-directed DNA Methylation (RdDM) pathway in soybean and maize

*Jéssica Faria, Geovanna Vitória Olimpio de Paulo, Fernanda Silva Coelho, Clícia Grativol*

DNA methylation directed by RNA (RdDM) is an epigenetic pathway that acts in the remodeling chromatin via the synthesis of small RNAs, mainly in regions of elements transposable. The global DNA methylation pattern can be regulated by a family that controls chromatin remodeling and acts on locus-specific regulation of methylation of the DNA that is represented by the CLASSY 1-4 family in *Arabidopsis thaliana*. Considering that there are no studies about the role of CLASSY 1-4 (CLSY) genes in the regulation of DNA methylation in soybean and maize, the objective of this work is to identify and compare the conservation of the CLSY 1-4 gene in both species. Were identified 19 and 12 CLSY1-4 genes in the soybean and maize genomes, respectively in the Phytozome database. The size of the genes was quite variable in soybean (3,769 to 45,572 bp) and maize (4,056 to 21,706 bp). In all protein sequences from these genes, were found the characteristic CLSY domains (SNF2 and Helicase). Subsequently, we analyzed conservation among the complete sequences of CLSY 1-4 proteins between *Arabidopsis*, maize, and soybean in the Circolleto tool. The CLSY proteins from *Arabidopsis* showed similarity of 22% and 52% with their orthologs in soybean and maize. There is greater coverage of protein alignment complete CLSY 1 and CLSY 2 between *Arabidopsis* and soybean than in maize. However, the CLSY 3 and CLSY 4 proteins show a higher percentage of similarity with soybean and maize. These results suggest that these proteins in soybean and maize may perform the same function as *Arabidopsis*. The data obtained so far can be auxiliary to understand the functional role played by CLSY in the soybean and maize genome.

*Instituição do Programa de IC, IT ou PG: Universidade Estadual do Norte Fluminense  
Fomento da bolsa (quando aplicável):*