

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^o

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

IDENTIFICAÇÃO DE microRNAs NOVOS E CANÔNICOS E POTENCIAIS microPEPTÍDEOS NO GENOMA DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spontaneum*)

Luciele de Léo Cardozo, Paula Machado de Araújo, Clícia Grativol Gaspar de Matos

A cana-de-açúcar é uma planta monocotiledônea da família Poaceae, e a principal fonte para a produção de açúcar e etanol. Mundialmente, o Brasil é o maior produtor de cana-de-açúcar e o maior exportador de açúcar. Foram publicados três genomas de referência para a cana-de-açúcar, o que salientou a sua complexidade genômica. Os microRNAs (miRNAs) são RNAs não-codificantes que regulam a expressão gênica pós-transcricionalmente e atuam em diversos processos biológicos em plantas. A maior parte dos trabalhos de caracterização de miRNAs em cana-de-açúcar utilizou sequências transcriptômicas ou genomas de espécies filogeneticamente relacionadas. A identificação de miRNAs no genoma da cana-de-açúcar pode contribuir para a descoberta de miRNAs espécie-específicos. Nesse trabalho, os objetivos foram identificar miRNAs conhecidos e novos em cana-de-açúcar (*Saccharum spontaneum*) e seus potenciais micropeptídeos (miPEPs) por meio de ferramentas de bioinformática. Inicialmente, foram obtidas 34 bibliotecas de sequenciamento de pequenos RNAs, as quais passaram por uma filtragem de *reads* quanto ao tamanho e qualidade, obtendo-se 304.317.970 *reads* totais e 110.970.755 *reads* não-redundantes. As bibliotecas filtradas foram submetidas ao programa miRCat2 para identificar miRNAs conhecidos e novos. As sequências dos miRNAs obtidos foram alinhadas contra os miRNAs maduros do banco de dados miRBase, utilizando o algoritmo BLASTN. Para a identificação dos miPEPs, as sequências genômicas dos precursores de miRNAs foram obtidas por meio do programa Bedtools, adicionando 500 pares de bases anteriores ao início do precursor. Tais regiões foram submetidas à busca de sítios de início da transcrição (TSS) por meio da ferramenta TSSPlant. A predição de ORFs (*Open Reading Frames*) foi realizada por meio da ferramenta GetORF, e somente as ORFs iniciando após as regiões TSS foram consideradas. Os alvos dos miRNAs conhecidos foram validados por meio do programa sPARTA. Para a anotação dos alvos preditos e análise de Gene Ontology, foi utilizada a ferramenta Blast2Go. Foram identificados 491 miRNAs canônicos e 927 potenciais miRNAs novos. Dentre os miRNAs canônicos, 78 famílias foram identificadas. Foram obtidos 12.101 miPEPs putativos dos miRNAs canônicos. Dentre eles, foram identificados dois miPEPs idênticos do miR408, localizados nos cromossomos Chr3A e Chr3C. A partir dos miRNAs identificados, foi realizada uma busca manual por miRNAs policistrônicos, onde foram encontrados seis miRNAs policistrônicos, isto é, oriundos do mesmo precursor. Os resultados obtidos nessa pesquisa podem aumentar o número de miRNAs identificados e disponibilizar potenciais miPEPs em cana-de-açúcar.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF

Eixo temático: Ciências Biológicas - Biociências

Fomento da bolsa (quando aplicável): CNPq

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

IDENTIFICATION OF NEW AND CANONICAL microRNAS AND POTENTIAL miRNA-ENCODED PEPTIDES IN THE GENOME OF SUGARCANE (*Saccharum spontaneum*)

Luciele de Léo Cardozo, Paula Machado de Araújo, Clícia Grativol Gaspar de Matos

Sugarcane is a monocotyledonous plant of the Poaceae family and the main source for the production of sugar and ethanol. Worldwide, Brazil is the largest producer of sugarcane and the largest exporter of sugar. Three reference genomes for sugarcane were published, which highlighted its genomic complexity. MicroRNAs (miRNAs) are non-coding RNAs that regulate post-transcriptional gene expression and act in several biological processes in plants. Most of the work on the characterization of miRNAs in sugarcane used transcriptomic sequences or genomes of phylogenetically related species. The identification of miRNAs in the sugarcane genome can contribute to the discovery of species-specific miRNAs. In this work, the objectives were to identify known and new miRNAs in sugarcane (*Saccharum spontaneum*) and their potential miRNA-encoded peptides (miPEPs) using bioinformatics tools. Initially, 34 small RNA sequencing libraries were obtained, and the reads were filtered for size and quality, obtaining 304,317,970 total reads and 110,970,755 non-redundant reads. Filtered libraries were subjected to the miRCat2 program to identify known and novel miRNAs. The sequences of the miRNAs obtained were aligned against mature miRNAs from the miRBase database, using the BLASTN algorithm. For the identification of miPEPs, the genomic sequences of the miRNA precursors were obtained using the Bedtools program, adding 500 pairs of bases before the beginning of the precursor. Such regions were subjected to the search for transcription start sites (TSS) using the TSSPplant tool. The prediction of ORFs (Open Reading Frames) was performed using the GetORF tool, and only the ORFs starting after the TSS regions were considered. The targets of known miRNAs were validated using the sPARTA program. For the annotation of predicted targets and Gene Ontology analysis, the Blast2Go tool was used. We identified 491 canonical miRNAs and 927 potential novel miRNAs. Among the canonical miRNAs, 78 families were identified. 12,101 putative miPEPs were obtained from the canonical miRNAs. Among them, two identical miR408 miPEPs were identified, located on chromosomes Chr3A and Chr3C. From the identified miRNAs, a manual search for polycistronic miRNAs was performed, and six polycistronic miRNAs were found, that is, from the same precursor. The results obtained in this research may increase the number of identified miRNAs and make available potential miPEPs in sugarcane.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

