

Análise *in silico* de genes envolvidos na regulação epigenética em variedades híbridas de cana-de-açúcar

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

A epigenética é uma importante área da genômica que está voltada para o estudo das modificações na molécula de DNA que não alteram a sequência de nucleotídeos. Atualmente, os mecanismos de metilação do DNA, modificações de histonas e pequenos RNAs (sRNAs) têm sido cada vez mais explorados com a intenção de entender como essas modificações epigenéticas podem atuar na regulação de regiões gênicas e repetitivas. No entanto, estudos envolvendo a caracterização de famílias gênicas relacionadas aos mecanismos epigenéticos são escassos em cana-de-açúcar. O objetivo desse trabalho é caracterizar os genes envolvidos na metilação do DNA e na via de sRNAs no genoma de cana-de-açúcar. O primeiro passo desta análise foi selecionar sequências de proteínas de *Arabidopsis thaliana* e *Sorghum bicolor* previamente anotadas que pudessem servir de referência para a anotação dos genes em cana-de-açúcar. Foram selecionadas 76 proteínas de *Arabidopsis* de acordo com dados da literatura, sendo 10 destes da família *Dicer-like* (DCL). Em sorgo, foram encontradas 5 proteínas anotadas nesta mesma família que está envolvida na biossíntese de sRNAs. Três importantes bancos de dados foram consultados para a obtenção das sequências: TAIR, Plaza e o Phytozome. Os alinhamentos obtidos a partir do BLAST de proteínas de sorgo e *Arabidopsis* contra o genoma de cana-de-açúcar (disponível no link lbmp.bioqmed.ufrj.br), mostraram a proximidade filogenética entre as monocotiledôneas. Os scaffolds contendo genes DCL foram submetidos ao programa FGENESH para predição da estrutura gênica no genoma da cana-de-açúcar. Cinco scaffolds foram submetidos à essa análise e apresentaram proteínas preditas com tamanho próximo das proteínas DCL de sorgo. Análises posteriores serão realizadas para comparar as sequências de mRNAs de DCLs de diversos genótipos híbridos de cana-de-açúcar. Acreditamos que esse trabalho poderá contribuir para o conhecimento da estrutura e evolução dos genes relacionados às vias de metilação do DNA e pequenos RNAs nos genomas de híbridos de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: epigenética, anotação de genes, cana-de-açúcar.

Instituições de fomento: UENF, CNPq.