



IDENTIFICAÇÃO DE MICROPEPTÍDEOS RELACIONADOS A PRECURSORES DE microRNAs NOS GENOMAS DE QUATRO LEGUMINOSAS

Paula Machado de Araújo, Paulo Cavalcanti Gomes Ferreira, Clícia Grativol

Plantas pertencentes à família Fabaceae são conhecidas por serem ótimas fontes de nutrientes e pela característica de fixar N_2 no solo. Considerando a importância nutricional, agrícola e econômica das leguminosas, pesquisas têm sido realizadas a fim de aumentar a produtividade e resistência das mesmas. Um grupo de RNAs não codificadores endógenos, microRNAs (miRNAs), é um dos principais responsáveis por regular negativamente a expressão gênica, podendo clivar mRNAs específicos e inibir a tradução, atuando em vários estágios do desenvolvimento vegetal. Um estudo recente demonstrou que miRNAs primários codificam micropeptídeos (miPEPs) capazes de aumentar a expressão dos seus miRNAs associados. Acredita-se que a identificação de miPEPs pode auxiliar no desenvolvimento de técnicas que potencializem a produtividade de leguminosas. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi caracterizar miPEPs derivados de *ORFs* (*Open Reading Frames*) em genes precursores de miRNAs, em quatro espécies de fabáceas (*Glycine max*, *Phaseolus vulgaris*, *Vigna unguiculata* e *Medicago truncatula*). A metodologia consistiu em análises *in silico*, utilizando bancos de dados. Foram selecionadas seis famílias de miRNAs (miR171, miR397, miR398, miR408, miR482 e miR528), com funções específicas e já relatadas em plantas. As sequências dos precursores de cada isoforma dos miRNAs foram obtidas no banco de dados miRBase. Foram encontradas isoformas de miRNAs de todas as famílias e nas quatro leguminosas, com exceção de miR528. Em seguida, as regiões genômicas em que os precursores se localizam foram extraídas do Phytozome. Tais regiões foram submetidas à predição de *ORFs* no software ORFfinder. As *ORFs* preditas mais próximas dos precursores foram selecionadas para a tradução do peptídeo. Os peptídeos traduzidos de cada *ORF* foram alinhados através do M-coffee. No programa WebLogo, foi possível observar os resíduos de aminoácidos conservados entre os peptídeos. Ocorreram sequências de possíveis miPEPs em todas as isoformas estudadas. Encontramos baixa conservação dos resíduos de aminoácidos nos peptídeos traduzidos, tanto em famílias de miRNAs diferentes, como em famílias iguais. Esses resultados corroboram o que foi visto em um estudo anterior, onde miPEPs foram específicos de seus miRNAs associados.

Palavras-chave: miRNAs, MiPEPs, Leguminosas.

Instituição de fomento: FAPERJ.