



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

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

A cana-de-açúcar faz parte do grupo de plantas monocotiledôneas e é 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. Recentemente foram publicados 3 genomas de referência para a cana-de-açúcar, o que salientou a sua complexidade genômica. Os microRNAs (miRNAs) são RNAs não-codificantes capazes de regular 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 24 bibliotecas de sequenciamento de pequenos RNAs, as quais passaram por um processo de filtragem dos *reads* quanto ao tamanho e qualidade, obtendo-se 128.582.055 *reads* totais e 36.973.953 *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, sendo identificados 391 miRNAs canônicos e 387 potenciais miRNAs novos. Dentre os miRNAs canônicos, 68 famílias foram identificadas. Também foram identificados dois miPEPs putativos do miR408, localizados nos cromossomos Chr3A e Chr3C. Primeiramente, as sequências genômicas em que o precursor do miR408 se localiza nos cromossomos Chr3A e Chr3C foram obtidas por meio do programa Bedtools, adicionando 500 pares de bases (bp) anteriores ao início do precursor. Tais regiões foram submetidas à busca de sítios de início da transcrição (TSS). Em seguida, foi realizada a predição de ORFs por meio da ferramenta ORFfinder, e somente as ORFs iniciando após as regiões TSS foram consideradas. As ORFs selecionadas para a tradução resultaram em dois miPEPs putativos idênticos de 55 aminoácidos. Os resultados obtidos nessa pesquisa podem aumentar o número de miRNAs identificados em cana-de-açúcar e contribuir para o entendimento de como os miRNAs regulam diferentes processos biológicos nessa espécie.

Palavras-chave: MiRNAs; Micropeptídeos; Cana-de-açúcar.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF

Fomento da bolsa (quando aplicável):