



**Universidade:
presente!**

UFRGS
PROPEAQ



XXXI SIC

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

Evento	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2019
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Identificação de miRNAs e seus alvos em <i>Clusia sp</i>
Autor	IGOR PAIM
Orientador	ROGERIO MARGIS

Título: Identificação de miRNAs e seus alvos em *Clusia* sp.

Nome: Igor Paim

Orientador: Rogério Margis

Instituição de origem: Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Departamento de Biofísica, Laboratório de Genômica e População de Plantas

Os microRNAs são pequenos RNAs endógenos que possuem papel regulatório no desenvolvimento, crescimento e resposta ao estresse. Muitos estudos têm sido realizados em plantas modelo e de importância econômica baseados na disponibilidade de recursos genômicos. Na família Clusiaceae, esses recursos estão limitados apenas a *Garcinia mangostana* não havendo informação sobre miRNAs. Neste estudo, sequenciamos uma biblioteca de pequenos RNAs de folhas de *Clusia* sp., uma espécie com importância econômica, ecológica e farmacológica, com notável variabilidade fenotípica e bioquímica. Fizemos uso da tecnologia Illumina para obter dados que permitiram a obtenção de um transcriptoma *de novo* com o software Trinity. Os transcritos obtidos foram utilizados juntamente com os miRNAs maduros do banco de dados miRBase e outras bibliotecas de pequenos RNAs de espécies de Viridiplantae, visando a identificação de sequências de miRNAs precursores. Um total de 75,224 transcritos foram obtidos e analisados com o software miR-PREfer para identificar miRNAs novos e conservados. Essa análise permitiu a identificação de 163 precursores de miRNAs, cujas estruturas secundárias preditas foram utilizadas como parâmetro para uma filtragem e seleção mais acurada. Entretanto, a geração das imagens das estruturas de cada um dos pre-miRNAs se demonstrou bastante exaustiva e demorada com os programas disponíveis atualmente, o que suscitou a criação de um software que fosse capaz de realizar essa tarefa. Portanto, criamos o programa *premiRNAplotting*, um algoritmo simples e versátil, implementado na linguagem Python, que permite a geração e customização *high throughput* de várias imagens de miRNAs precursores, evidenciando a sequência do miRNA dentro destes, além de possibilitar a visualização dos dados de energia mínima livre predita e comprimento dos pre-miRNAs informados. Depois da filtragem fazendo uso das imagens geradas pelo programa, 12 miRNAs conservados e 33 miRNAs novos foram selecionados. Em seguida, foi utilizado o programa psRNATarget para a predição dos transcritos alvos dos miRNAs com base no transcriptoma montado e depois foi realizada uma análise da ontologia desses genes. Na sequência deste trabalho pretende-se validar os miRNAs identificados por RT-qPCR e verificar seus níveis de expressão em condições de estresse salino e hídrico, buscando associações de relevância fisiológica que possam explicar a regulação da variabilidade fotossintética, morfológica e bioquímica da espécie a situações climáticas adversas.