

Ciência, Tecnologia e Inovação na Amazônia Pós-Pandemia

I SEMINÁRIO PIBEX
IV SEMINÁRIO DE ENSINO
XVIII SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA
II ED CONGRESSO UFRA VIRTUAL - UNIVERSIDADE VIVA



METODOLOGIA *IN SILICO* PARA IDENTIFICAÇÃO DE microRNAs NO GENOMA DE *Bubalus bubalis*

1. Bolsista PIVIC, Tayná da Silva Santos, Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Capitão Poço, e-mail: taynamyy@gmail.com; 2. Bolsista PIBIC, Andreza Farias Almeida, Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Capitão Poço, e-mail: andreza.almeida528@gmail.com; 3. Orientador, Priscila di Paula Bessa Santana, Departamento de Biologia, Universidade Federal do Pará, Belém, e-mail: ppbsantana@gmail.com

RESUMO:

Os microRNAs são moléculas curtas de RNA, responsáveis pela regulação da expressão gênica, estão presentes em todos os Eucariotos e em diversas vias metabólicas, podem exercer um efeito sobre a maioria dos processos biológicos básicos como imunidade, metabolismo e desenvolvimento, a desregulação de sua função pode conduzir doenças cardiovasculares e metabólicas. Em decorrência de sua importância, se faz necessário o estudo da composição dos microRNAs para os avanços dos conhecimentos biológicos sobre o funcionamento da expressão gênica em diferentes tecidos e vias de ação. Considerando que os búfalos não possuem conjuntos de dados transcriptômicos suficientes, este trabalho propõe uma metodologia para a identificação *in silico* de microRNAs com uma abordagem utilizando conjuntos de dados de microRNAs da espécie bovina. O objetivo é elaborar uma metodologia *in silico* para identificar microRNAs em bubalinos por meio do mapeamento de sequências de microRNAs de bovinos conservados entre as duas espécies. Para isso, foi utilizada a ferramenta de alinhamento de sequências Bowtie2 (<http://bowtie-bio.sourceforge.net>), disponível na plataforma galaxy (<http://usegalaxy.org/>), para mapear os microRNAs da espécie bovina no genoma do búfalo. Nossa metodologia para análise *in silico* de microRNA consistiu nas seguintes etapas: 1) seleção do genoma da espécie *Bubalus bubalis*; 2) seleção dos microRNAs de *Bos taurus* na plataforma online miRBase; 3) alinhamento dos microRNAs ao genoma de referência; 4) previsão de alvos de microRNAs. No arquivo miRBase selecionado para o alinhamento havia 1064 microRNAs precursores de *Bos taurus*, espécie filogeneticamente mais próxima do búfalo, dos quais identificamos no búfalo, o total de 29 microRNAs maduros e 14 precursores, a previsão dos prováveis alvos foi obtido na ferramenta MirBases (<http://mirdb.org>) e TargetScan (www.targetscan.org). De acordo com os resultados, conclui-se que a metodologia empregada neste estudo tem um grande potencial para identificação de prováveis alvos de microRNAs no genoma do búfalo. O repositório utilizado no presente estudo apresenta dados de microRNAs de várias espécies, incluindo três ruminantes: a espécie bovina com 1064 microRNAs catalogadas, espécie caprina com 436 microRNAs catalogados e a espécie ovina com 153 microRNAs catalogados. Logo, deduzimos que a metodologia empregada não foi eficiente para identificar a totalidade dos microRNAs presentes no genoma do búfalo. É possível que o uso combinado de vários alinhadores e análises de diferentes parâmetros pudesse ajudar na identificação de maior número de microRNAs existentes na espécie bubalina, aumentando assim precisão da qualidade dos resultados de alinhamento.

PALAVRAS-CHAVE: bioinformática; pequenos RNAs; regulação gênica

¹ Link do Vídeo: <https://youtu.be/KBj6IazVBS8>