

### C. Ciências Biológicas - 3. Bioquímica - 1. Biologia Molecular

#### ANÁLISE FUNCIONAL DA FAMÍLIA MIR-482 EM *Coffea* spp.

Joáz Vieira Lobo<sup>1</sup>

Samuel Siva Chaves<sup>2</sup>

Antonio Chalfun Junior<sup>3</sup>

1. Graduando - Depto. Biologia - UFLA

2. Mestrando - Depto. de Biologia - UFLA

3. Prof. Dr. - Depto. de Biologia - UFLA - Orientador

#### RESUMO:

Os microRNAs são pequenas moléculas de RNA fita única, compostos geralmente de 19 a 25 nucleotídeos. Regulam negativamente a transcrição gênica no nível pós-transcricional ao se ligarem a regiões específicas e complementares do RNA alvo. O tipo de ação desempenhada depende do nível de complementaridade entre o miRNA e o RNAm podendo suceder degradação do RNAm ou inibição da tradução da proteína correspondente. Esse é um fenômeno comum e ocorre naturalmente com centenas de genes, que podem ter sua expressão silenciada pela ação dos miRNAs. O Projeto Genoma Café desenvolvido a partir do Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, coordenado pela Embrapa Café e colaboradores gerou um banco de dados com mais de 200 mil seqüências de DNA. Resultando na identificação de mais de 30 mil genes, responsáveis pelos diversos mecanismos fisiológicos de crescimento e desenvolvimento do cafeeiro. A partir das informações contidas nesse banco de dados se torna possível a identificação de miRNAs potencialmente envolvidos em rotas de silenciamento gênico para as espécies *Coffea arabica* e *Coffea canephora*. Entre as possíveis famílias de miRNAs, foi descrita no presente trabalho a famílias de microRNAs miR-482. Esta regula genes que codificam fatores transcrição e proteínas sinalizadoras, relacionadas com resistência à doença, a choques térmicos e à oxidação. Um dos alvos importantes de miR-482 são os genes que codificam as heme-peroxidases, diretamente ligadas com a deposição de lignina, na biossíntese de metabólitos secundários e no enrijecimento da parede celular através da retenção de extensinas e de ligações entre os polissacarídeos da matriz celular.

Instituição de Fomento: Cnpq

Palavras-chave: *Coffea* spp., miR-482, microRNA.