

Ciências Biológicas

POSSÍVEIS miRNAs ENVOLVIDOS NA ROTA DE BIOSÍNTESE DO ÁCIDO GAMA-AMINOBTÚRICO

Júlia de Carvalho Costa - 10º módulo de Ciências Biológicas, UFLA, bolsista de iniciação científica PIBIC/UFLA

Kellen Kauanne Pimenta de Oliveira - Coorientadora, Doutora em Biotecnologia Vegetal ICN/UFLA

Raphael Ricon de Oliveira - Coorientador, Doutor em Epigênética ICN/UFLA

Lillian Magalhães Azevedo - Doutoranda em Fisiologia Vegetal ICN/UFLA

Gabriel Lasmar dos Reis - Doutorando em Fisiologia Vegetal ICN/UFLA

Antonio Chalfun Junior - Docente do Departamento de Biologia, setor de Fisiologia Vegetal ICN/UFLA ? Orientador (a) - Orientador(a)

Resumo

Estudos recentes mostram que o ácido gama-aminobutírico (GABA), um aminoácido não proteico de quatro carbonos encontrado em eucariotos e procariontes, está envolvido em diversos processos relacionados a regulação da homeostase térmica. Além disso, inúmeros estudos mostram que as plantas são capazes de perceber estímulos térmicos e adaptar seu metabolismo por meio de vias moleculares relacionadas. Dentro desse contexto, os microRNAs são responsáveis pela regulação pós-transcricional de importantes processos biológicos, tais como desenvolvimento das folhas, flores e frutos, bem como resposta a estresses ambientais. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi identificar os possíveis microRNAs envolvidos na rota de biossíntese do GABA em tomateiro (*Solanum lycopersicum* cv. Micro-Tom). As buscas dos genes envolvidos na rota do GABA foram realizadas no banco de dado Sol Genomics Network (<https://solgenomics.net/>) como também na literatura. Além disso, foram realizadas buscas por possíveis microRNAs que estejam regulando a expressão de GABA, que tem a função de proteger o tomateiro de danos extremos, ocasionados pelo estresse térmico utilizando a ferramenta PsRNATarget (<https://www.zhaolab.org/psRNATarget/>). Como resultado desta pesquisa, três genes-chave foram identificados na via metabólica do ácido gama-aminobutírico (GABA). O primeiro deles, o gene SIGAD1 (*Solyc03g098240-1*), responsável por codificar a enzima glutamato descarboxilase 1 (GAD1), que desempenha um papel central na conversão do ácido glutâmico em GABA, sendo uma das principais enzimas na biossíntese do GABA. Este processo é potencialmente regulado pelo miRNA sly-miR5302b-5p. Em seguida, foi identificado o gene GABA-T1 (*Solyc07g043310*), que codifica a enzima GABA transaminase, encarregada da degradação do GABA em succinato semialdeído, possivelmente regulado por sly-miR5302a. Finalmente, o gene SSADH (*Solyc09g090700*) envolvido na codificação da enzima succinico semialdeído desidrogenase, que converte o succinato semialdeído em succinato e é regulado por sly-miR9474-3p, encerrando assim o ciclo do GABA. Essas descobertas desempenham um papel crucial na compreensão da regulação molecular e metabólica relacionada ao GABA, e podem ter implicações significativas no campo da biologia molecular, visto que podem auxiliar no controle de processos relacionados à regulação da homeostase térmica em face às mudanças climáticas previstas.

Palavras-Chave: miRNA, Ácido gama-aminobutírico., Biologia Molecular..

Instituição de Fomento: FAPEMIG, CAPES e CNPq

Link do pitch: <https://youtu.be/9HsJi5oM7ig>