



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2020
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Identificação e mecanismos de ação de peptídeos derivados de circRNAs em arroz
<b>Autor</b>	IGOR PAIM
<b>Orientador</b>	ROGERIO MARGIS

# Identificação e mecanismos de ação de peptídeos derivados de circRNAs em arroz

Igor Paim - Orientador: Rogério Margis

## Justificativa

Os RNAs circulares (circRNAs) correspondem a uma classe de RNAs identificados pela primeira vez em viroides de plantas, e consistem em transcritos que tem suas extremidades covalentemente ligadas por um mecanismo de *backsplicing*. As funções de circRNAs envolvem desde sua atuação como esponjas de miRNAs, até, mais recentemente, a codificação de proteínas. Já foi demonstrado que RNAs circulares apresentam mecanismos de tradução independentes de CAP, como *internal ribosome entry sites* (IRES) e sítios de metilação, que facilitariam a identificação das fases de leitura aberta pelo complexo de iniciação de tradução. Entretanto, os programas existentes para identificação dessas fase de leitura considerando o contexto de uma molécula circular e a conexão destes com a saída de análises de espectrometria de massas ainda não estão bem estruturados.

## Objetivos

- Elaborar um *software* que permita a identificação e caracterização de peptídeos derivados de RNAs circulares;
- Validar os peptídeos preditos com base nas proteínas extraídas de plantas de *Oryza sativa subsp. japonica*;

## Metodologia

As sequências dos circRNAs identificados em *Oryza sativa subsp. japonica* registradas no banco de dados cropCircDB foram recuperadas e submetidas ao software desenvolvido. Para validação desses peptídeos preditos foi desenhado um experimento de estresse salino com plantas de arroz cultivadas em meio hidropônico. As amostras correspondem a uma fração proteica solúvel com menos de 10-kDa e foram enviadas para análise em espectrômetro de massas.

## Resultados

Foi realizado um experimento de estresse salino em triplicatas com plantas de arroz com 30 dias cultivadas em meio Hogland suplementado ou não com 150 mM de NaCl durante 0, 1, 2 e 4 dias. Foi feita a extração proteica da fase solúvel do macerado total da planta seguido de filtragem com exclusão de peso molecular maior que 10kDa. As amostras foram enviadas para análise em espectrômetro de massas. O *software* está sendo desenvolvido em Python e já consta com módulos capazes de identificar ORFs em circRNAs e representar os fragmentos trípticos que seriam gerados desses peptídeos, facilitando a identificação por abordagem proteômica. Ainda serão desenvolvidos módulos para a representação gráfica dos dados gerados.