

Análise integrada de miRNAs e mRNAs associados a cromossomos B no ciclídeo *Astatotilapia latifasciata*

Jordana Inácio Nascimento Oliveira; Cesar Martins

Abstract/Resumo

Os cromossomos supernumerários B são encontrados em uma variedade de organismos eucariotos e não seguem os padrões de segregação da herança mendeliana. No ciclídeo *Astatotilapia latifasciata* esse cromossomo está presente em ambos os sexos. No entanto, pouco se sabe sobre a função e comportamento desse elemento. Este trabalho teve como objetivo compreender a relação entre transcritos de mRNA e miRNA em gônadas de *A. latifasciata*, que possam estar ligadas ao fator sexo e presença do cromossomo B. Para construção do micRNoma de gônadas B+ e B- foram utilizadas bibliotecas de sequenciamento next-generation Illumina – HiSeq do Laboratório Genômica Integrativa (UNESP). As bibliotecas foram submetidas ao processo de filtro pelo software FASTX Toolkit 0.0.13. A identificação e análise de expressão dos microRNAs com base no genoma de *A. latifasciata* foi realizada através do programa miARma v1.5. Com a finalidade de prospectar 3'UTR dos possíveis targets submeteu-se o genoma e transcriptoma de *A. latifasciata* ao treinamento de máquina utilizando Augustus v3.1.0. A predição de interação 3'UTR:miRNA foi realizada por 3 softwares. Os melhores resultados foram selecionados (energia livre menor que -16 kcal/mol para miRanda v3.3a e FindTar3, e context-score maior que -0,2 para TargetScan 6.0), totalizando 2.048 predições. Como filtro para a seleção das interações relacionadas ao cromossomo B e sexo foi prospectado os targets que interagiram com miRNAs diferencialmente expressos em ambos os sexos B+ e B- (pvalue \leq 0,05 e FDR \leq 0,05). O resultado final mostrou uma lista que engloba 18 interações reportadas no banco de dados do TargetScanFish 6.2 envolvendo 9 genes e 5 miRNAs diferencialmente expressos. Além de funções relacionadas a ciclo celular e replicação do DNA (genes alvos fbxo33 e anxa11) foram encontrados nessa lista final genes envolvidos com organização e motilidade de microtúbulos (dnah5 e reep1). A interação dnah5:miR-460 ocorreu em fêmeas e machos B+. MiR-214 esteve diferencialmente expresso em fêmeas B+ e reportou como alvo o gene reep1. Os resultados contribuem para a investigação funcional do cromossomo B, pois, há processos celulares diferencialmente regulados em indivíduos B+, que estão sob controle de miRNAs.

Keyword/Palavras-chave: Cromossomos supernumerários; Genômica; miRNAoma; Transcriptoma