

MCF-O.17

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE miRNAs INVOLUCRADOS EN LA MADURACIÓN DE FRUTOS DE *Coffea arabica*.

Christiane Noronha Fernandes-Brum¹, M. de Souza Gomes², L. R. Amara², A. A. Lima¹, S. A. Ságio¹, A. M. Lopes¹ y A. Chalfun-Junior¹

¹Universidade Federal de Lavras, Lavras, Brasil

²Universidade Federal de Uberlândia, Brasil

email: chalfunjunior@dbi.ufla.br

RESUMEN: El café es el segundo producto más comercializado mundialmente antecedido por el petróleo. Brasil se considera el mayor productor de café y suproducción en el 2013 alcanzó aproximadamente 50 millones de sacos. Poco se sabe de los procesos moleculares que están involucrados en el desarrollo del café. Los miRNAs son pequeños RNAs que no codifican proteínas, tienen aproximadamente 21 nt con la principal función de controlar la expresión de mRNAs, inhibiendo su traducción. Estrategias computacionales y experimentales han sido utilizadas para la identificación de miRNAs en varios organismos. Algunos miRNAs no son expresados en determinadas situaciones experimentales y no pueden ser identificados por las técnicas *in vitro* por lo que se requieren de métodos computacionales. De esta forma nuestro trabajo tiene como objetivo la identificación y caracterización de miRNAs (precursores y maduros) en bibliotecas de RNA-seq de frutos verdes y maduros de *Coffea arabica*. Para esto se desarrolló un algoritmo integrado basado en la aplicación de diferentes filtros como contenido de GC (>25 % y <70 %), conservado de una estructura primaria de miRNAs maduro (>80 %) así como en características termodinámicas y estructurales. Los miRNAs identificados presentaron alta conservación estructural tanto primaria como secundaria, principalmente en la región madura de la molécula, corroborando con valores estructurales y termodinámicos de miRNAs ortólogos encontrados en otras especies de plantas. Esta estrategia podrá ser usada para la obtención y caracterización de miRNAs involucrados en la regulación y expresión génica de café, y proporcionará nuevos desafíos en busca de tecnologías que controlen y silencie los genes importantes en este organismo.