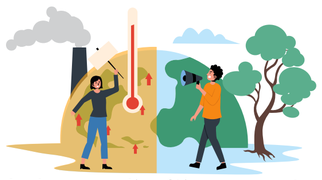
Gestão:

Reunião de Acompanhamento e Avaliação - RAA 2026

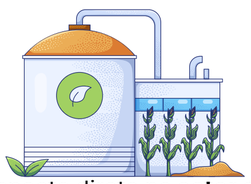
Investigação funcional de módulos miRNA–gene alvo na resiliência ao estresse hídrico e à produção de biomassa em espécies de *Setaria*

Rodrigues, M. J. [1]; Oliveira, F.[3] L Setta, N. [2]; .[1]Bolsista do PRH49/UFABC, curso de Biotecnociência, São Bernardo – SP. E-mail: juliana.melo@aluno.ufabc.edu.br [2]Docente do curso de Biotecnociência da Universidade Federal do ABC, São Bernardo – SP. E-mail: nathalia.setta@ufabc.edu.br [3]Universidade de São Paulo (USP). Instituto de Biociências (IB), São Paulo - SP. E-mail: lfdeoliveira@usp.br

INTRODUÇÃO



Mudanças climáticas, eventos ambientais cada vez mais desafiadores



Impacto direto no **setor de biocombustíveis**

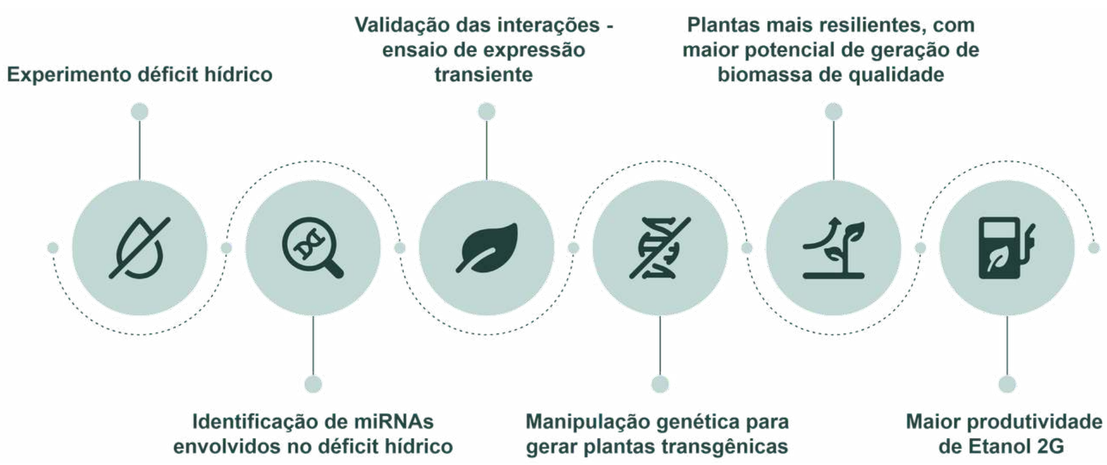


Ajustes metabólicos e fisiológicos impactam o desenvolvimento das plantas, produção de **biomassa e açúcares de reserva**

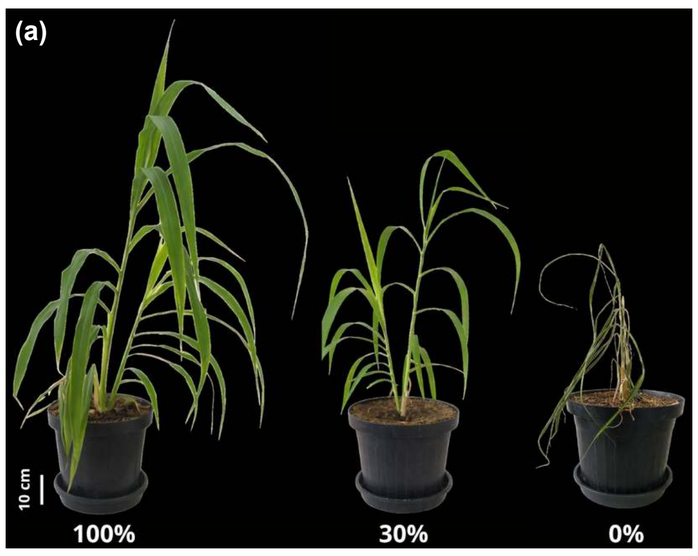


Impacto direto na **sobrevivência** e **produtividade** das culturas

METODOLOGIA



RESULTADOS



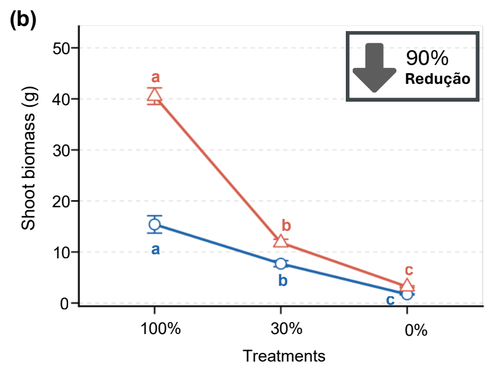


Fig. 1 O desempenho de Setaria italica é afetado pelo déficit hídrico. (a) Plantas de S. italica após 66 dias sob 100%, 30% e 0% de déficit hídrico. **(b)** Biomassa da parte aérea. **(c)** Conteúdo relativo de água (RWC). Os valores representam média ± erro padrão (SE) ao final do experimento. Letras diferentes indicam diferenças significativas (ANOVA, teste de Tukey, P ≤ 0,05, n = 10).

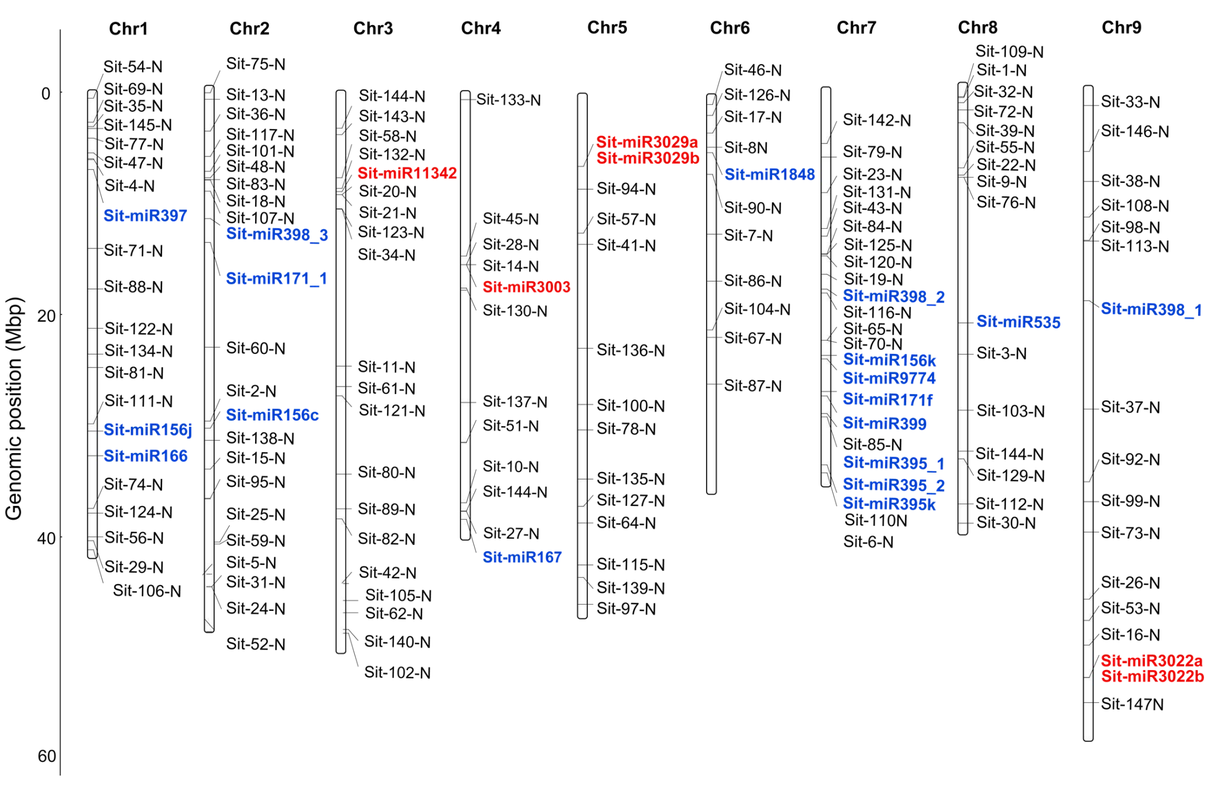
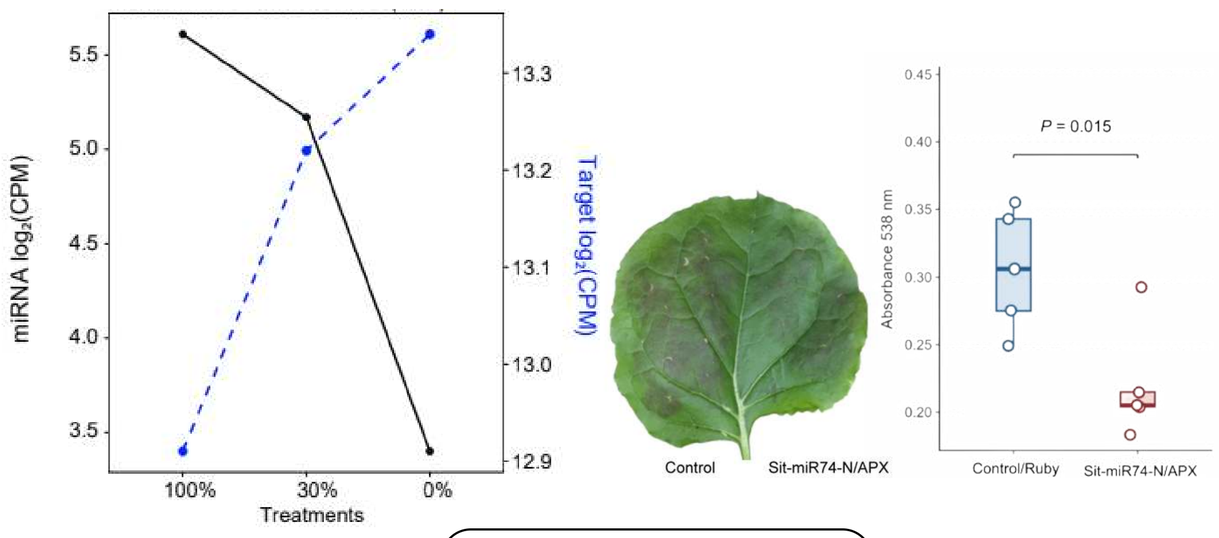


Fig. 2 Mapa físico dos 159 MIR genes identificados e caracterizados em *Setaria italica*. As posições genômicas (Mbp) são indicadas à esquerda, e os IDs dos miRNAs são apresentados à direita dos cromossomos. Os miRNAs conservados (19), conhecidos (5) e novos (135) são representados em azul, vermelho e preto, respectivamente.

Sit-miR74-N / *APX7*



Sit-miR132-N / *PEPC3*

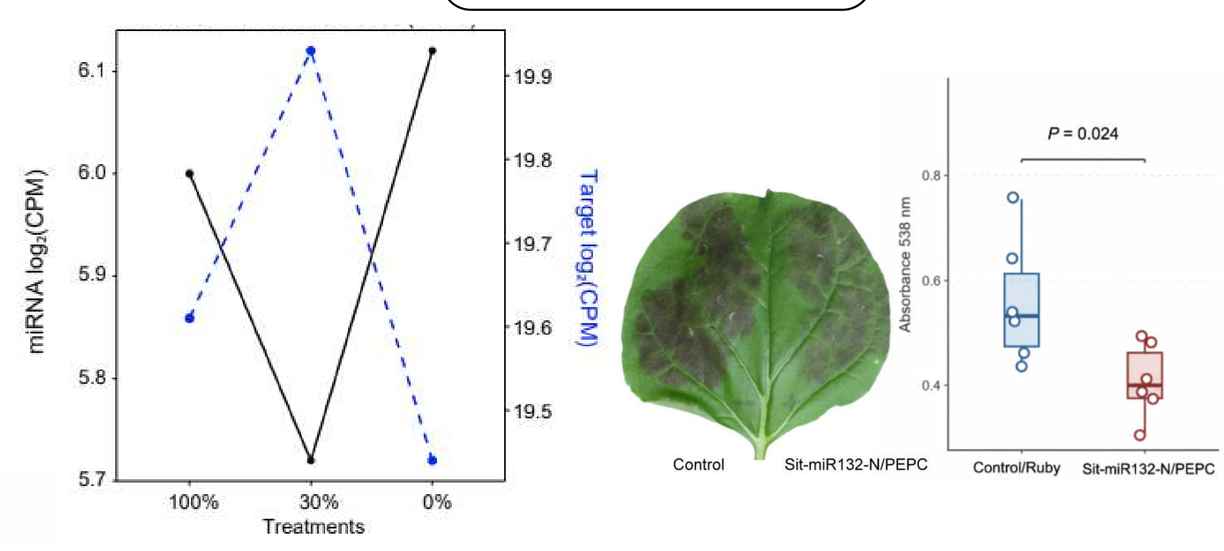
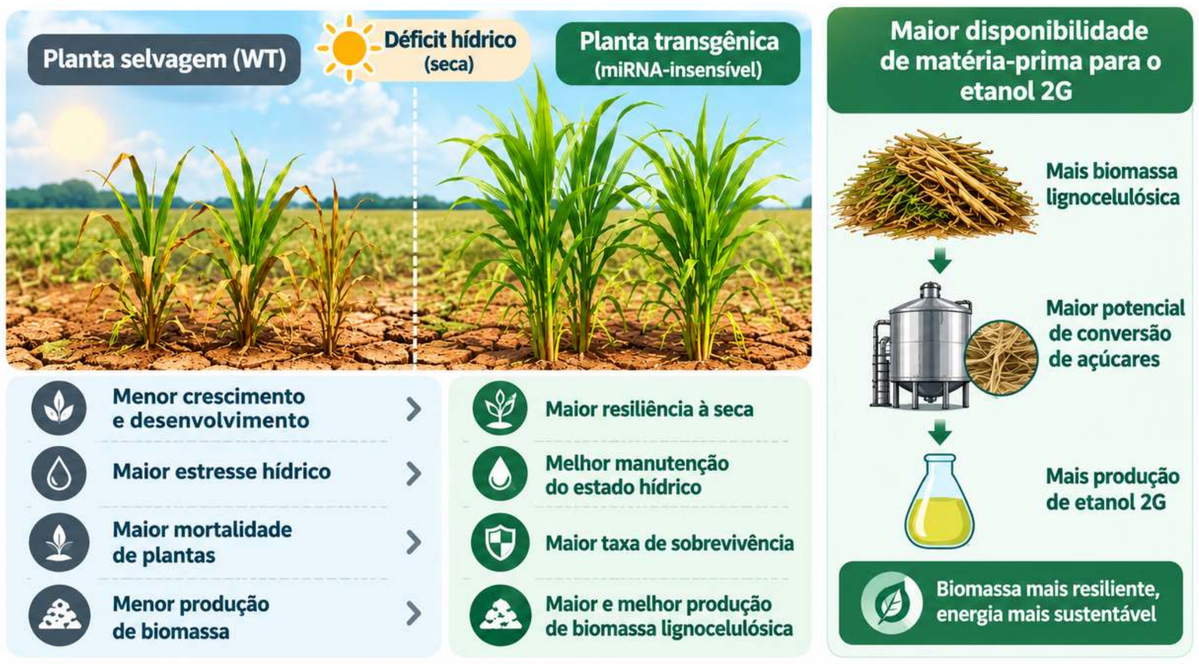


Fig. 3 Módulos miRNA–gene associados à resposta ao déficit hídrico e validados por ensaio de expressão transiente. Os gráficos mostram os perfis de expressão dos pares Sit-miR74-N/APX7 e Sit-miR132-N/PEPC sob diferentes níveis de déficit hídrico. As imagens das folhas mostram o ensaio de interação miRNA–gene utilizando o sistema repórter baseado em RUBY em Nicotiana benthamiana.

DISCUSSÃO

A análise de pequenos RNAs permitiu identificar 159 miRNAs em *Setaria italica*, sendo 19 conservados, cinco conhecidos e 135 candidatos a novos miRNAs. A coexpressão de cada miRNA com seu respectivo gene-alvo resultou em menor acúmulo de pigmentação em comparação ao controle, indicando interação potencial entre os módulos Sit-miR74-N/*APX7* e Sit-miR132-N/*PEPC*. Os níveis de betalaína foram quantificados a partir de discos foliares das áreas infiltradas, com três réplicas biológicas e duas réplicas técnicas por construção (teste t de Student; P ≤ 0,05). Os padrões de expressão observados também sugerem uma relação entre esses módulos e a resposta ao déficit hídrico. APX7 está associado ao controle do estresse oxidativo, enquanto PEPC participa de processos relacionados à fotossíntese e à fixação de carbono. Esses módulos foram, portanto, selecionados para a etapa de validação funcional no doutorado.

PRÓXIMAS ETAPAS



REFERÊNCIAS

Landi S, Hausman J-F, Guerriero G and Esposito S (2017) Poaceae vs. Abiotic Stress: Focus on Drought and Salt Stress, Recent Insights and Perspectives. Front. Plant Sci. 8:1214. doi: 10.3389/fpls.2017.01214

Rodrigues, J.M., Theodoro, V.G.B., Carvalho, G.G. et al. Integrative RNA sequencing uncovers the miRNA–mRNA landscape of water-deficit response in Setaria italica. Planta 264, 92 (2026). https://doi.org/10.1007/s00425-026-05117-5

Suguiyama, V. F., Rodriguez, J. D. P., Dos Santos, T. C. N., Lira, B. S., de Haro, L. A., Silva, J. P. N., Borba, E. L., Purgatto, E., da Silva, E. A., Bellora, N., Carrari, F., Centeno, D. D. C., Bermúdez, L. F., Rossi, M., & de Setta, N. (2022). Regulatory mechanisms behind the phenotypic plasticity associated with Setaria italica water deficit tolerance. Plant molecular biology, 109(6), 761–780. https://doi.org/10.1007/s11103-022-01273-w

Tang, J., & Chu, C. (2017). MicroRNAs in crop improvement: fine-tuners for complex traits. Nature plants, 3, 17077. https://doi.org/10.1038/nplants.2017.77

AGRADECIMENTOS

INTERAGRO Núcleo de Pesquisa em Biotecnologia para o Agronegócio Sustentável
PBTC Programa de Pós-graduação em Biotecnociência
PRH-ANP UFABC
FAPESP MUDANÇAS CLIMÁTICAS