

## O circRNA NO AMADURECIMENTO DE FRUTOS

MARCELY BRASIL SILVA<sup>1</sup>; TATIANE JÉSSICA SIEBENEICHLER<sup>2</sup>; VINÍCIUS RODRIGUES<sup>2</sup>; VANESSA GALLI<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pelotas – [marcelybrasilsilva7@gmail.com](mailto:marcelybrasilsilva7@gmail.com)

<sup>2</sup>Universidade Federal de Pelotas – [tatianejsiebeneichler@gmail.com](mailto:tatianejsiebeneichler@gmail.com), [viniciusmedivh@gmail.com](mailto:viniciusmedivh@gmail.com)

<sup>3</sup>Universidade Federal de Pelotas – [vanessagalli.ufpel@gmail.com](mailto:vanessagalli.ufpel@gmail.com)

### 1. INTRODUÇÃO

O amadurecimento é um processo complexo que depende de diversos fatores, no qual ocorrem inúmeras mudanças bioquímicas, fisiológicas e moleculares. Ainda que várias pesquisas foquem no amadurecimento, pouco se sabe sobre como mecanismos moleculares afetam o desenvolvimento e amadurecimento do fruto, em destaque o circRNA (YIN, 208).

O circRNA é uma molécula de RNA não codificante que tem esse nome pelo seu formato de alça contínua. É um mecanismo de regulação pós transcricional e surge a partir do mecanismo de *back-splicing*. Foi descoberto há 20 anos, porém, mesmo com anos de estudo ainda há muito que se desconhece sobre as suas funções. Recentemente, com os avanços em sequenciamento de nova geração e técnicas de bioinformática foi observado que os circRNA podem exercer funções na regulação da expressão gênica e no amadurecimento de frutos além da sua capacidade de interagir como uma “esponja” ao se ligar a miRNAs com complementaridade de pares de base (YANG, 2020).

Atualmente existe uma quantidade significativa de informação sendo publicada sobre o papel do circRNA no amadurecimento dos frutos; contudo, ainda existe uma necessidade desses dados serem compilados para uma melhor compreensão.

Em vista disso, esse trabalho foi elaborado com o propósito de unir o que há disponível na literatura sobre o assunto até o momento.

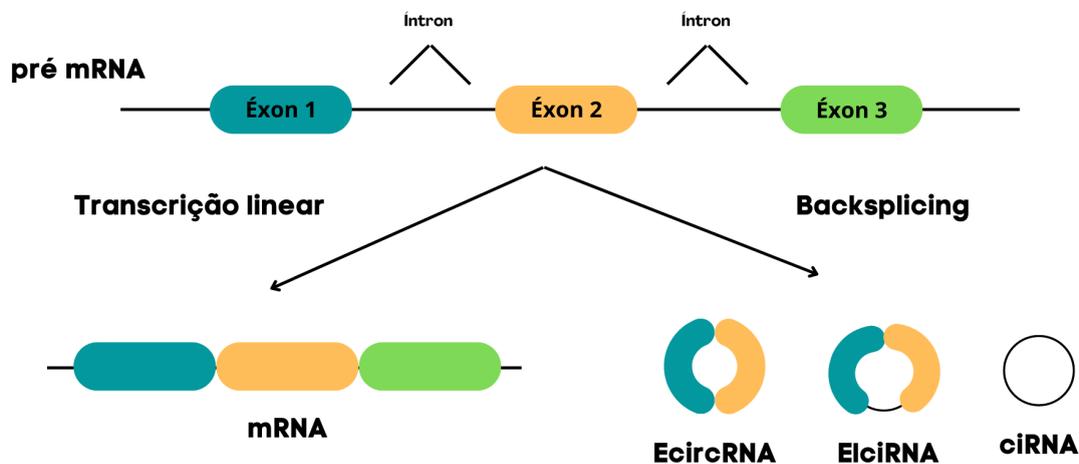
### 2. METODOLOGIA

Para o desenvolvimento deste trabalho foi feita uma pesquisa na plataforma Google Scholar, com os termos “circRNA” AND “ripening”. A partir dos resultados foi levado em conta a relevância, o tempo de publicação e a disponibilidade dos artigos e 8 foram selecionados para a elaboração deste resumo. Destes, 5 foram publicados na revista Elsevier e 3 na revista Nature.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para uma melhor compreensão do assunto é interessante abordar primeiramente como ocorre a biogênese do circRNA. Após a transcrição de um gene através da RNA polimerase é formado um pré-mRNA, a molécula que precede o mRNA. O pré-mRNA é então processado por um complexo chamado de spliceossomo que tem como função se ligar aos íntrons, removê-los da molécula de pré-mRNA, permitindo a ligação dos éxons e a formação do mRNA linear. Contudo, na biogênese do circRNA são feitas ligações covalentes entre as

extremidades 3' e 5', formados *loops*. Estes podem ser compostos de éxons, éxons intercalados por um íntron ou formados por apenas um íntron, denominados de EcircRNAs, ElciRNAs e ciRNAs respectivamente (Fig. 1).



**Figura 1.** O processo de transcrição de circRNAs através do mecanismo de *backsplicing* e síntese de mRNA através de transcrição linear.

As pesquisas feitas até o momento em uma grande variedade de frutos relatam a grande presença e a importância de circRNAs na resposta a estresses bióticos e abióticos, bem como no seu desenvolvimento e amadurecimento. São muitos os fatores que afetam o amadurecimento dos frutos, incluindo a genética da planta e a atuação de fitohormônios, que afetam desde a reorganização das moléculas da parede vegetal até mudanças na cor, textura, tamanho, sabor e aroma do fruto.

Recentemente, pesquisadores identificaram a sequência Chr06:21090976|21092632, que corresponde a um circRNA que foi caracterizado através da ferramenta de bioinformática CIRI (CircRNA Identifier). Essa molécula tem como alvo a alanina glioxilato aminotransferase 2, uma enzima essencial no amadurecimento da pimenta (*Capsicum chinense*), mais precisamente na síntese de compostos que conferem o seu aroma (ZUO, 2019).

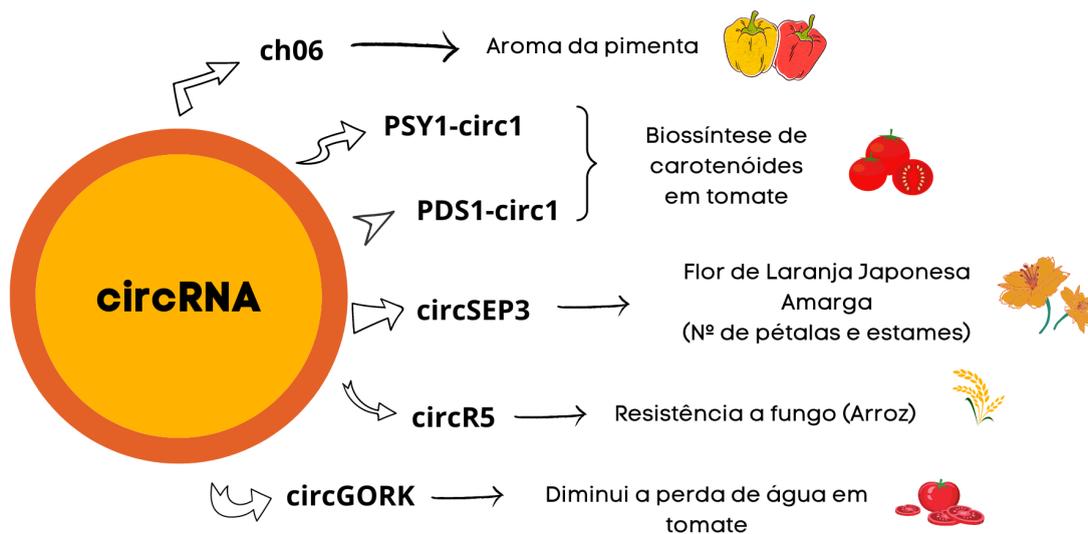
Outro fruto muito importante tanto na pesquisa como no comércio é o tomate (*Solanum lycopersicum*). É um dos frutos mais consumidos mundialmente, razão pela qual existe uma preocupação por parte do agronegócio em manter uma produção constante mesmo diante de estresses ocasionais pelas mudanças climáticas. Além disso, é um ótimo biomodelo, muito usado pela ciência devido suas características, como mudanças de cor durante o processo de amadurecimento. Após análises de bioinformática em softwares como TopHat2 e CIRI foi possível identificar dois circRNAs, PSY1-circ1 e PDS1-circ1. Ambos atuam ativamente na regulação da biossíntese de carotenóides durante o processo de amadurecimento e podem ser manipulados para que o fruto apresente maior acúmulo desses pigmentos antioxidantes (YIN, 2018).

Além disso, um elemento significativo no amadurecimento, que acontece previamente ao desenvolvimento do fruto e não é muito abordado, é a formação dos órgãos reprodutivos onde também foi identificada a ação de circRNAs. Neste

caso, o circSEP3 tem a capacidade de regular o número de estames e pétalas em *Poncirus trifoliata*, uma fruta originada da Ásia que também é chamada de laranja japonesa amarga.

Entre todos os fatores relacionados ao amadurecimento e as rotas metabólicas, o que se destaca são os fitohormônios, em especial o etileno, o qual é essencial no amadurecimento do tomate e demais frutos climatéricos. As pesquisas que buscam a relação entre esses fitohormônios e o circRNA ainda estão em andamento, porém existem evidências que indicam que circRNAs possam regular a sua expressão.

Um ponto que também foi apontado nas pesquisas é a influência de estresses bióticos e abióticos no cultivar e o impacto dessa resposta no organismo da planta durante o amadurecimento. Entre esses, foram identificados o circR5g05160, presente em arroz (*Oryza sativa*), e quando superexpressado confere resistência ao fungo da brusone do arroz (*Magnaporthe grisea*) à planta. E em tomate onde foi comprovado que uma superexpressão do circGORK diminuiu a perda de água da planta e aumentou suas chances de sobrevivência. Fatores que apesar de não ligados diretamente ao amadurecimento estão relacionados indiretamente pelo seu impacto na morte dos frutos ainda jovens, não maduros (ZHANG, 2022).



**Figura 2.** Todos os circRNAs citados, ligados à uma ação em cada fruto específico.

#### 4. CONCLUSÕES

Este estudo permitiu verificar que circRNAs atuam em diferentes etapas no amadurecimento de frutos e demonstrou o impacto do circRNA nesse processo. Em razão disso, é interessante que seja feita uma maior exploração e análises comprobatórias da função dessas moléculas, para que seja possível manipular estes circRNAs e conseqüentemente modular o amadurecimento de frutos. Assim, novos produtos e processos biotecnológicos poderão ser desenvolvidos em prol da agricultura e indústria.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- DOU, Ce, et al. Changing expression profiles of lncRNAs, mRNAs, circRNAs and miRNAs during osteoclastogenesis. **Scientific reports**, 2016, 6.1: 1-12.
- TAN, Jinjuan, et al. Identification and functional characterization of tomato circRNAs derived from genes involved in fruit pigment accumulation. **Scientific reports**, 2017, 7.1: 1-9.
- WANG, Shicong, et al. Genome-wide identification and characterization of long noncoding RNAs involved in apple fruit development and ripening. **Scientia Horticulturae**, 2022, 295: 110898.
- YANG, Shengbao, et al. Transcriptomic profile analysis of non-coding RNAs involved in Capsicum chinense Jacq. fruit ripening. **Scientia Horticulturae**, 2020, 264: 109158.
- YIN, Junliang, et al. Identification of circular RNAs and their targets during tomato fruit ripening. **Postharvest Biology and Technology**, 2018, 136: 90-98.
- ZHANG, Pei; DAI, Mingqiu. CircRNA: A rising star in plant biology. **Journal of Genetics and Genomics**, 2022.
- ZHOU, Rong, et al. Genome-wide identification of circRNAs involved in tomato fruit coloration. **Biochemical and biophysical research communications**, 2018, 499.3: 466-469.
- ZUO, Jinhua, et al. Network analysis of noncoding RNAs in pepper provides insights into fruit ripening control. **Scientific reports**, 2019, 9.1: 1-11.