XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA

60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

cena 1966 2026 60 anos

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Introdução

O *spliceossomo* é responsável pelo processamento de pré-RNAs e, via *splicing* alternativo, amplia a diversidade do transcriptoma e proteoma vegetal, sendo a organização genômica de seus snRNAs chave para comparar conservação e variação entre espécies.

A. thaliana

Zea mays

Oryza sativa

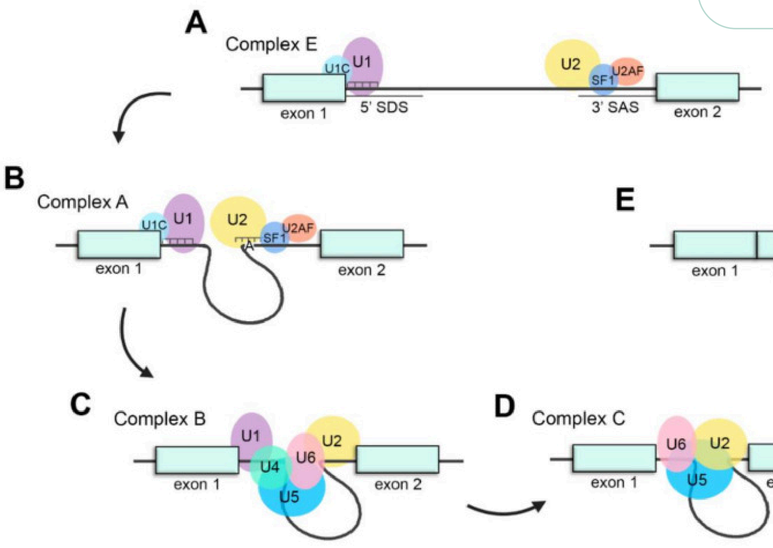


Figura 1. Montagem do spliceossomo (complexos E, A, B e C) e remoção do íntron. Adaptado de Aísa-Marín et al. (2021), Int. J. Mol. Sci. 22:1855.

Materiais e Métodos

As buscas foram realizadas na base Gene do **NCBI** em setembro de 2026, utilizando o nome de cada snRNA como termo de busca, com filtro por organismo, e as montagens de referência do RefSeq:

TAIR10.1 **ASM3414082v1** **Zm-B73-REFERENCE-NAM-5.0**

Os registros foram sujeitos a curadoria manual com base em:

1. Descrição funcional
2. Localização cromossômica
3. Tipo de gene
4. Transcritos
5. Locus

Foram excluídos pseudogenes e outras classes de RNAs não codificantes, como os snoRNAs, e registros redundantes de um mesmo locus foram consolidados. Comparou-se o número, a distribuição cromossômica e o tamanho dos loci.

Resultados e Discussão

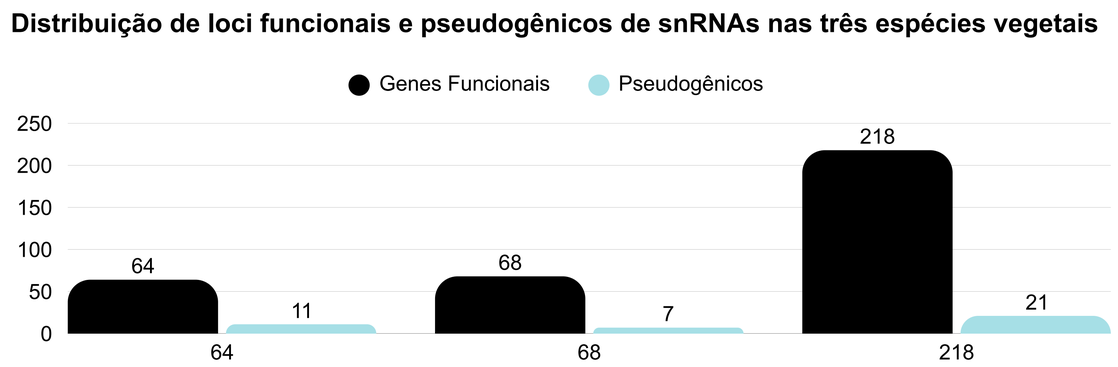


Figura 2. Identificaram-se 64 loci funcionais e 11 pseudogênicos em *A. thaliana* (14,7% de pseudogenes), 68 e 7 em *O. sativa* (9,3%) e 218 e 21 em *Z. mays* (8,8%).

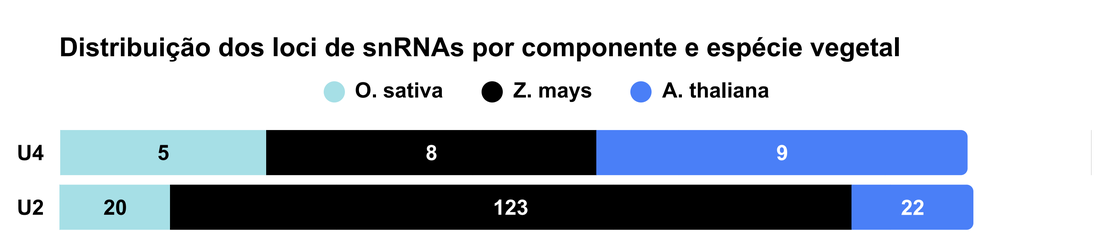
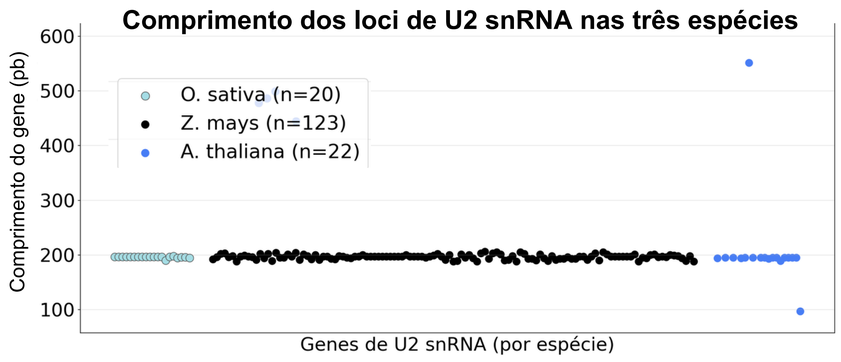


Figura 3. U4 foi a menos representada em *O. sativa* (5) e Z. mays (8); em *A. thaliana*, U1 e U4 tiveram os menores números (9 loci cada).



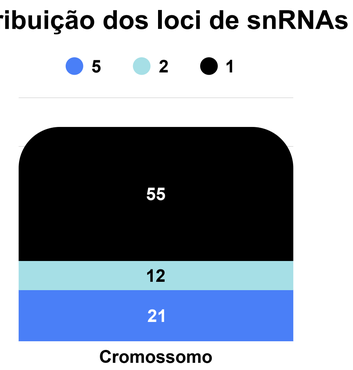


Figura 4. Comprimento dos loci de snRNAs, destacando valores atípicos em *A. thaliana*, como U6-29 (912 pb). **Figura 5.** Distribuição cromossômica dos loci de snRNAs, com maior concentração nos cromossomos 5 de *A. thaliana,* 2 de *O. sativa* e 1 de *Z. mays.*

Conclusão

Os resultados indicam conservação das 5 classes de snRNAs. *Z. mays* apresentou maior proporção de U1/U2, enquanto *O. sativa* apresentou maior proporção de U5/U6; *A. thaliana* destacou-se por U4. A predominância de U2 no milho também se manteve após a normalização pelo total de genes anotados.

Agradecimentos

CNPq USP cena 1966 2026 60 anos BCE

Realização: APG CENA-USP · cena 1966 2026 60 anos

Apoio: Fealq 50 anos · Pós-Graduação CENA - USP · CAPES

Patrocínio: Laboratório de Biologia Celular e Molecular · Laboratório de Ecotoxicologia CENA | USP | BRASIL · GEPEST Grupo de Extensão em Pesticidas · Laboratório de Isótopos Estáveis CENA/USP · CRECIN Centro de Referência em Ensino de Ciências da Natureza

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resumo

Biologia na Agricultura e Ambiente

O spliceossomo é um complexo ribonucleoproteico altamente dinâmico e evolutivamente conservado, constituído pelas ribonucleoproteínas nucleares pequenas (snRNPs) U1, U2, U4, U5 e U6 e por proteínas acessórias. Sua atuação no processamento dos pré-RNAs, incluindo o splicing alternativo, contribui para a geração de múltiplos transcritos e para a ampliação da diversidade funcional do transcriptoma e proteoma vegetal. Compreender a organização genômica dos snRNAs que constituem as principais snRNPs é importante para caracterizar a conservação e a variação desses componentes entre diferentes espécies vegetais. Por isso, comparou-se a distribuição genômica dos loci dos snRNAs spliceossomais em *Arabidopsis thaliana*, *Zea mays* e *Oryza sativa*, considerando seu número, distribuição cromossômica e tamanho. As buscas foram realizadas na base Gene do NCBI em setembro de 2026, utilizando o nome de cada snRNA como termo de busca, com filtro por organismo, e as montagens de referência do RefSeq: TAIR10.1 (*A. thaliana*), ASM3414082v1 (*O. sativa*) e Zm-B73-REFERENCE-NAM-5.0 (*Z. mays*). Os registros foram submetidos a curadoria manual com base na descrição funcional, tipo de gene, locus, localização cromossômica e transcritos. Foram excluídos pseudogenes e outras classes de RNAs não codificantes, como os snoRNAs, e registros redundantes de um mesmo locus foram consolidados. Foram comparados o número, a distribuição cromossômica e o tamanho dos loci. Identificaram-se 64 loci funcionais e 11 pseudogênicos em *A. thaliana* (14,7% de pseudogenes), 68 e 7 em *O. sativa* (9,3%) e 218 e 21 em *Z. mays* (8,8%). U2 foi a classe com mais loci nas três espécies, e U4 foi a menos representada em O. sativa (5) e Z. mays (8); em *A. thaliana*, U1 e U4 tiveram os menores números (9 loci cada). Os loci foram identificados em todos os cromossomos das três espécies, com maior concentração no cromossomo 5 (21 loci) em *A. thaliana*, no 2 (12) em *O. sativa* e no 1 (55, dos quais 40 de U2) em *Z. mays.* O comprimento dos loci foi semelhante entre *O. sativa* e *Z. mays*, ao passo que *A. thaliana* apresentou médias maiores para U2 (327 pb) e U6 (178 pb), influenciadas por loci atípicos, como o U6-29 (912 pb), aproximadamente nove vezes o comprimento observado para os demais loci U6, que apresentam cerca de 100 pb. Os resultados indicam conservação das 5 classes de snRNAs. *Z. mays* apresentou maior proporção de U1/U2, enquanto *O. sativa* apresentou maior proporção de U5/U6; *A. thaliana* destacou-se por U4. A predominância de U2 no milho também se manteve após a normalização pelo total de genes anotados. Esses dados caracterizam a organização genômica dos snRNAs spliceossomais em plantas e fornecem uma base para estudos comparativos posteriores.

Palavras-chave: splicing; spliceossomo; plantas; genômica comparativa.

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resultados e Discussão

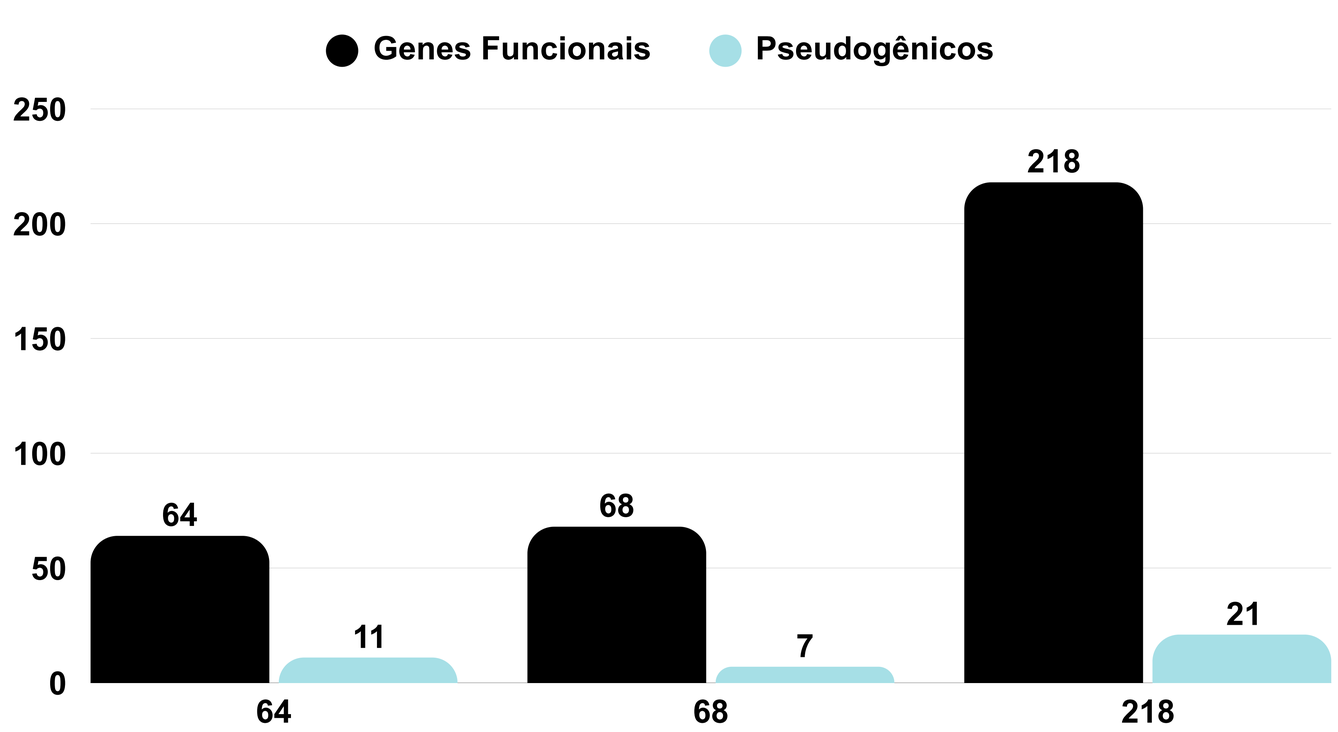


Figura 2. Identificaram-se 64 loci funcionais e 11 pseudogênicos em *A. thaliana* (14,7% de pseudogenes), 68 e 7 em *O. sativa* (9,3%) e 218 e 21 em *Z. mays* (8,8%).

Figura 3. U4 foi a menos representada em *O. sativa* (5) e *Z. mays* (8); em *A. thaliana*, U1 e U4 tiveram os menores números (9 loci cada).

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resultados e Discussão

Comprimento dos loci de U2 snRNA nas três espécies

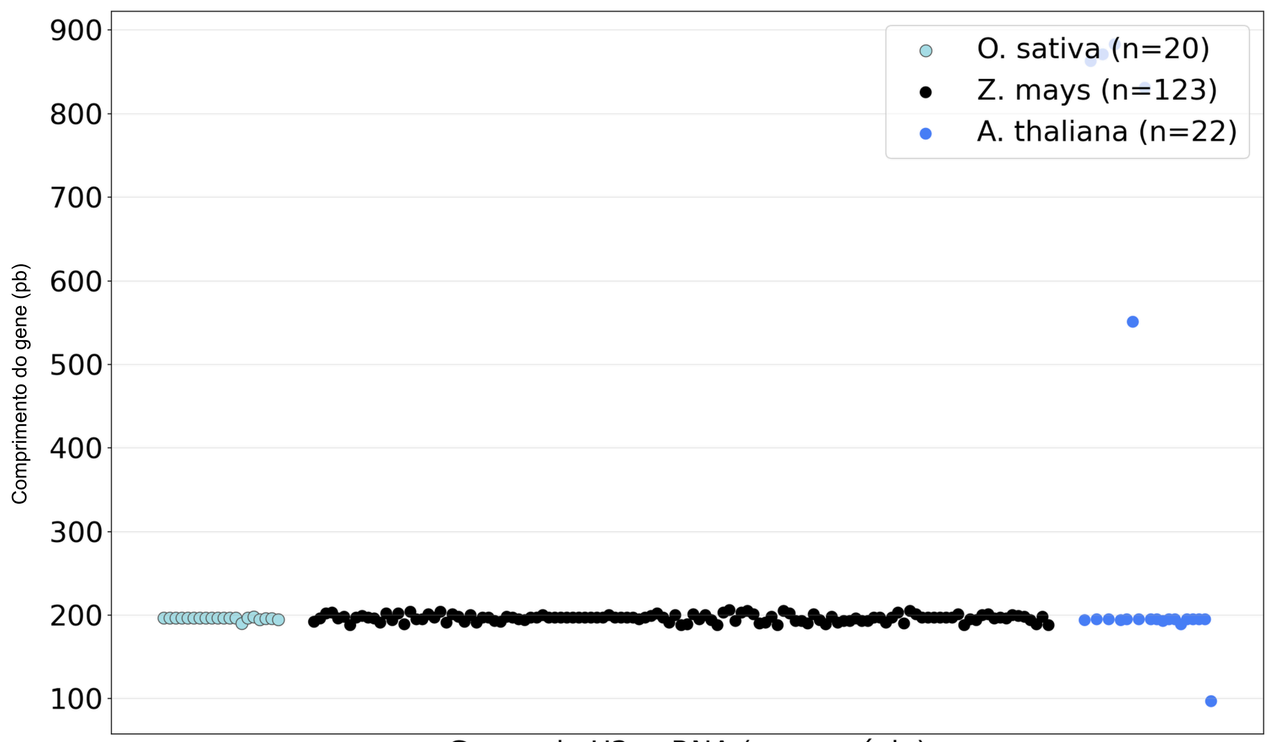


Figura 4. O comprimento dos loci foi semelhante entre *O. sativa* e *Z. mays*, ao passo que *A. thaliana* apresentou médias maiores para U2 (327 pb) e U6 (178 pb), influenciadas por loci atípicos, como o U6-29 (912 pb). Isso refere-se à região genômica anotada e não necessariamente ao comprimento do RNA maduro.

Comprimento dos loci dos snRNA nas três espécies

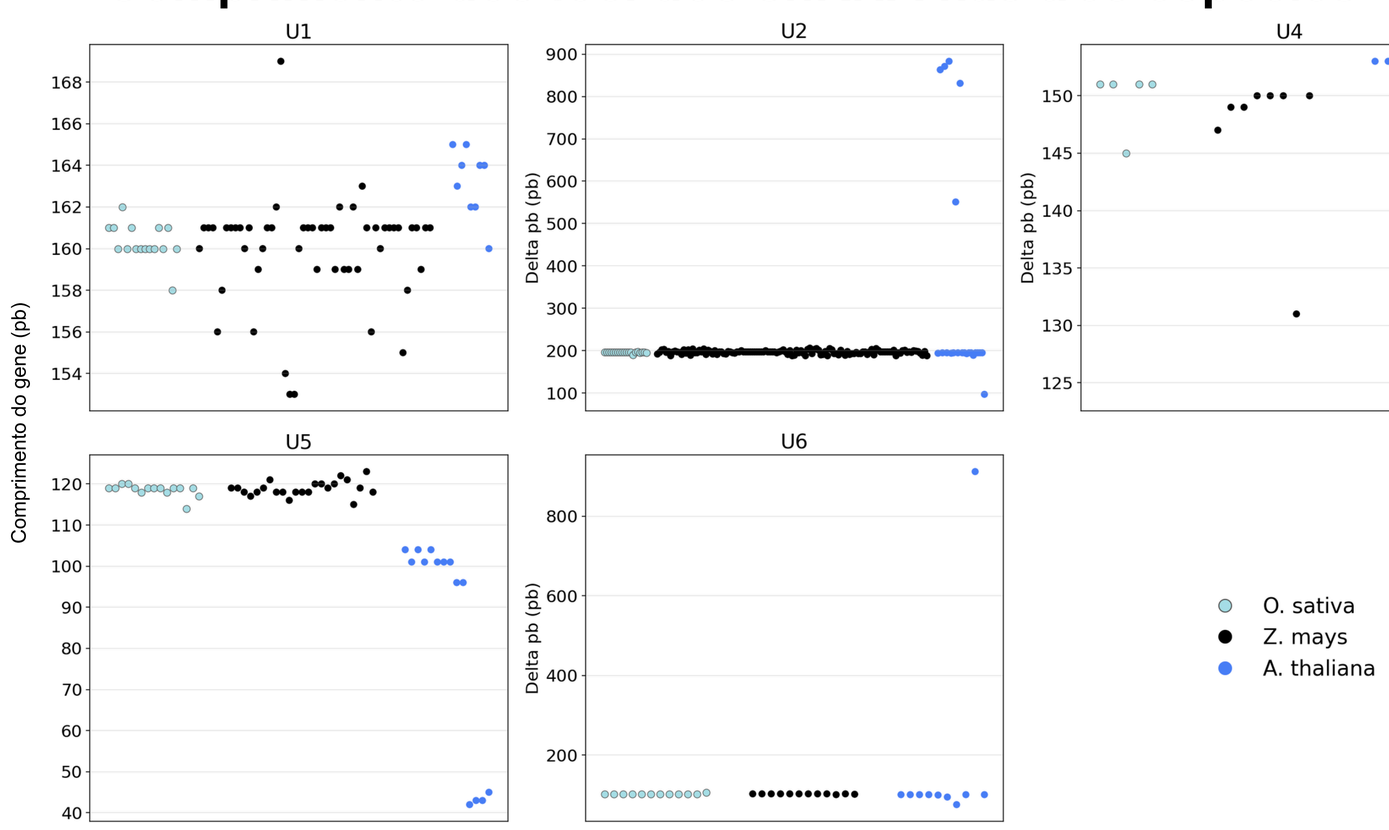


Figura 4.1 Comprimento dos genes dos snRNAs do spliceossomo (U1, U2, U4, U5 e U6) em *Oryza sativa* (azul-claro), *Zea mays* (preto) e *Arabidopsis thaliana* (azul). Cada ponto representa um gene, e o comprimento corresponde ao tamanho do locus no genoma de referência (NCBI RefSeq), calculado como posição final − posição inicial + 1.

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resultados e Discussão

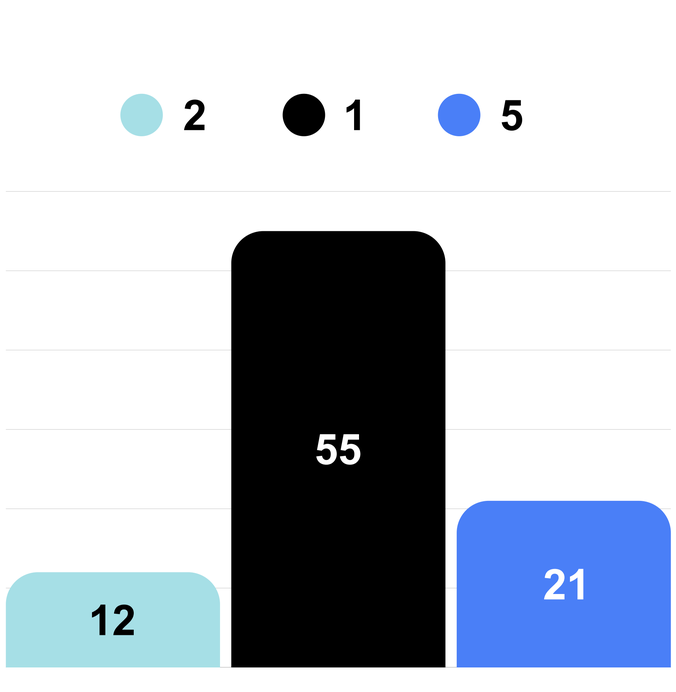


Figura 5. Os loci foram identificados em todos os cromossomos das três espécies, com maior concentração no cromossomo 5 (21 loci) em *A. thaliana*, no 2 (12) em *O. sativa* e no 1 (55, dos quais 40 de U2) em *Z. mays.*

Distribuição dos loci de snRNAs por cromossomo em *A. thaliana*

Cromossomo	U1	U2	U4	U5	U6	Total
1	2	3	4	6	0	15
2	0	3	0	0	1	4
3	2	8	1	4	2	17
4	1	1	0	1	4	7
5	4	7	4	3	3	21
Total	**9**	**22**	**9**	**14**	**10**	**64**

Figura 5.1 Distribuição cromossômica dos loci de snRNAs, com maior concentração nos cromossomos 5 de *A. thaliana*.

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa0*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resultados e Discussão

Distribuição dos loci de snRNAs por cromossomo em *O. sativa*

Cromossomo	U1	U2	U4	U5	U6	Total
1	2	1	1	0	0	4
2	2	9	1	0	0	12
3	6	0	0	3	2	11
4	3	0	0	4	1	8
5	0	0	0	1	0	1
6	2	0	3	3	1	9
7	0	4	0	1	1	6
8	0	4	0	2	0	6
9	0	0	0	0	1	1
10	1	0	0	1	1	3
11	0	1	0	0	4	5
12	0	1	0	0	1	2
Total	**16**	**20**	**5**	**15**	**12**	**68**

Figura 5.1 Distribuição cromossômica dos loci de snRNAs, com maior concentração nos cromossomos 2 de *O. sativa.*

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resultados e Discussão

Distribuição dos loci de snRNAs por cromossomo em *Z. mays*

Cromossomo	U1	U2	U4	U5	U6	Total
1	6	40	0	5	4	55
2	7	8	0	4	4	23
3	0	9	2	0	1	12
4	1	12	1	0	0	14
5	11	1	0	2	0	14
6	1	5	2	4	0	12
7	0	11	0	2	1	14
8	2	14	1	2	2	21
9	3	14	2	1	0	20
10	21	9	0	3	0	33
Total	**52**	**123**	**8**	**23**	**12**	**218**

Figura 5.2 Distribuição cromossômica dos loci de snRNAs, com maior concentração nos cromossomos 1 de *Z. mays.*

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resultados e Discussão

Distribuição dos snRNAs spliceossomais por orientação da fita genômica nas três espécies

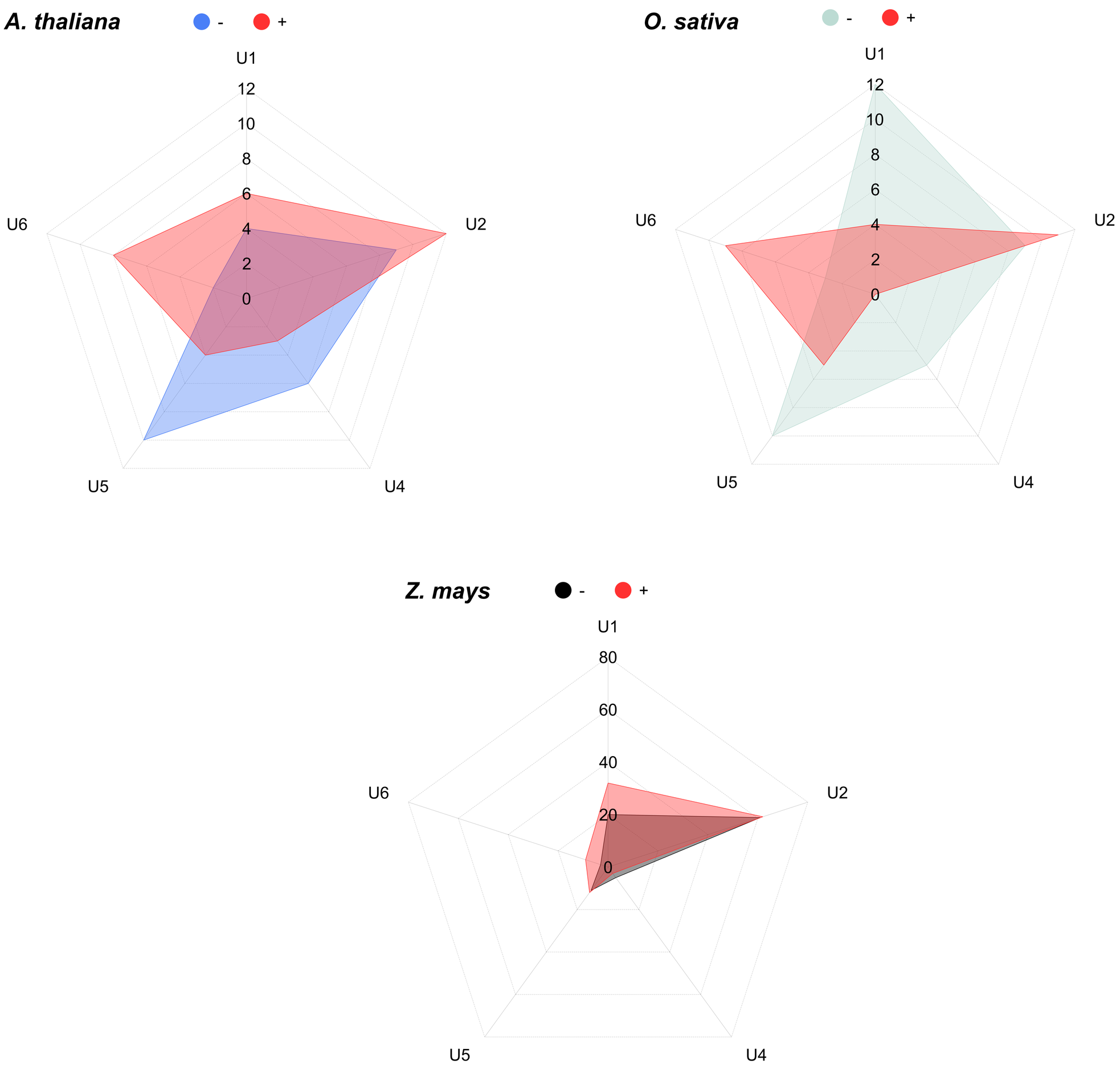


Figura 6. Distribuição dos loci de snRNAs U1, U2, U4, U5 e U6 nas fitas positiva (+) e negativa (−) de *A. thaliana, O. sativa e Z. mays.*

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resultados e Discussão

Comprimento dos cromossomos nas três espécies vegetais.

Cromossomos	*O. sativa*	*Z. mays*	*A. thaliana*
1	43.929.697	308.452.471	30.427.671
2	36.447.916	243.675.191	19.698.289
3	37.399.924	238.017.767	23.459.830
4	36.078.568	250.330.460	18.585.056
5	30.400.764	226.353.449	26.975.502
6	32.122.276	181.357.234	
7	29.936.421	185.808.916	
8	28.605.474	182.411.202	
9	27.474.823	163.004.744	
10	23.931.887	152.435.371	
11	31.111.469		
12	28.271.460		

Genes	
O. sativa	39.387
Z. mays	49.888
A. thaliana	38.312

Figura 7 e 8. Comprimento dos cromossomos de *O. sativa, Z. mays* e *A. thaliana*, expresso em pares de bases (pb), conforme as montagens genômicas utilizadas e disponibilizadas no NCBI (Acesso: 28 de outubro de 2026).

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resultados e Discussão

Comparação da representação genômica dos loci de snRNAs nas três espécies

Espécie	Total de genes	Loci funcionais	% dos genes	Loci por 10 mil genes	Loci/Mb	Com pseudogenes (n, %)
O. sativa	39.387	68	0,17%	17,3	0,176	75 (0,190%)
Z. mays	49.888	218	0,44%	43,7	0,099	239 (0,479%)
A. thaliana	38.312	64	0,17%	16,7	0,537	75 (0,196%)

Figura 9. Número total de genes anotados, loci funcionais de snRNAs, proporção de loci em relação ao total de genes, número de loci por 10 mil genes, densidade de loci por megabase e número total de loci incluindo pseudogenes em O. sativa, Z. mays e A. thaliana.

Repertório de loci funcionais de snRNAs spliceossomais nas três espécies vegetais.

Genoma	O. sativa	Z. mays	A. thaliana
Tamanho do genoma	385,7 Mb	2.200 Mb	119,1 Mb
Total de genes anotados	39.387	49.888	38.312
Loci funcionais de snRNAs	68	218	64
Loci funcionais U1	16	52	9
Loci funcionais U2	20	123	22
Loci funcionais U4	5	8	9
Loci funcionais U5	15	23	14
Loci funcionais U6	12	12	10

Figura 10. Tamanho do genoma, número total de genes anotados e distribuição dos loci funcionais de U1, U2, U4, U5 e U6 em *O. sativa, Z. mays e A. thaliana.*

XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE snRNAS SPLICEOSSOMAIS EM *Arabidopsis thaliana, Zea mays* E *Oryza sativa*

Octávio Ramos Mazzaro[1,2], Diego Mauricio Riaño-Pachón[2].

1. Mestrando em Biologia na Agricultura e no Ambiente. Programa de Pós-Graduação em Ciências, Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo. octavio.mazzaro@gmail.com

2. Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES). Centro de Energia Nuclear na Agricultura - Universidade de São Paulo.

Resultados e Discussão

Por classe de snRNA (loci funcionais por 10 mil genes)

Espécie	U1	U2	U4	U5	U6	Total
O. sativa	4,06	5,08	1,27	3,81	3,05	17,3
Z. mays	10,42	24,66	1,6	4,61	2,41	43,7
A. thaliana	2,35	5,74	2,35	3,65	2,61	16,7

Figura 11. Número de loci funcionais de cada classe de snRNA por 10 mil genes anotados em *O. sativa, Z. mays e A. thaliana.*

Proporção relativa dos componentes de snRNAs spliceossomais nas três espécies vegetais.

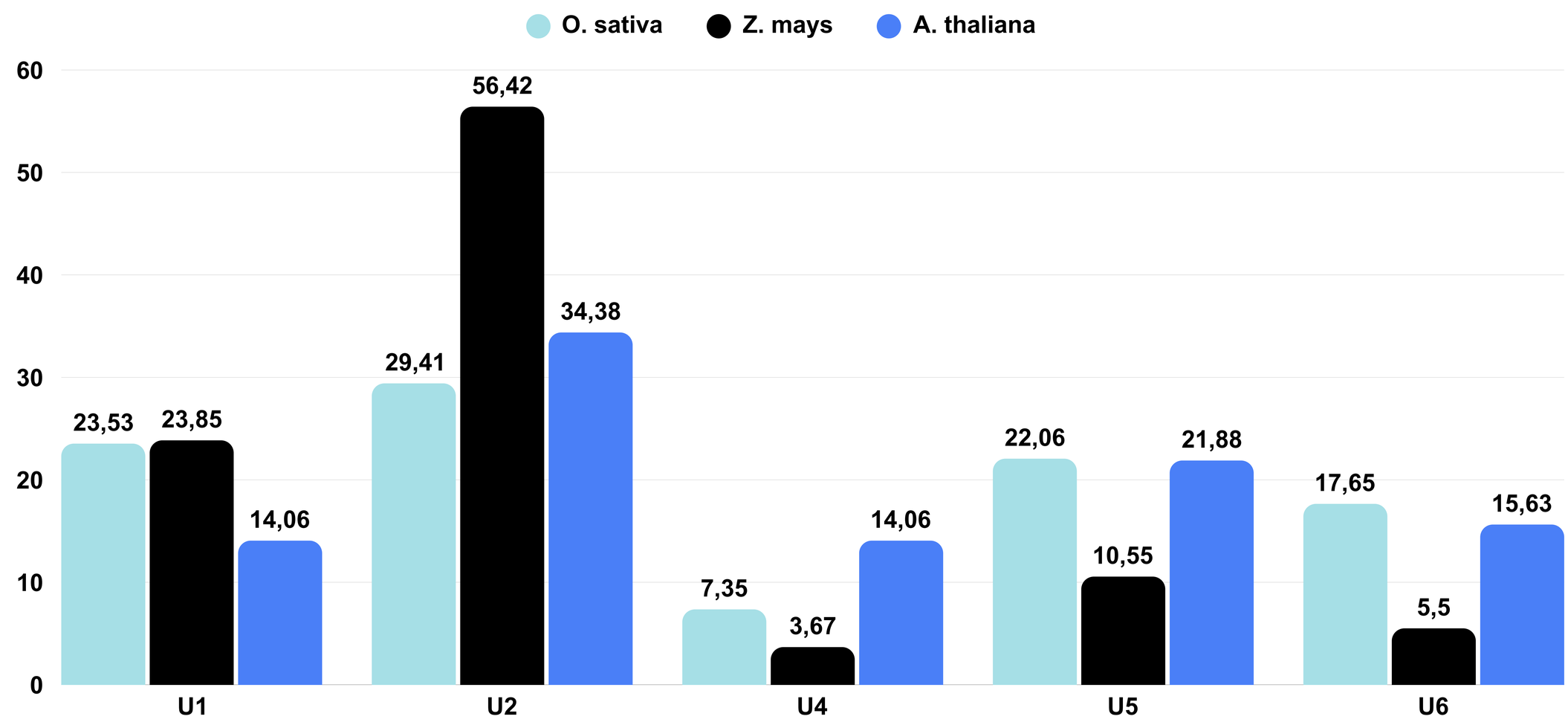


Figura 12 Proporção em porcentagem dos loci funcionais de U1, U2, U4, U5 e U6 em O. sativa, Z. mays e A. thaliana, em relação ao total de loci funcionais de snRNAs identificados em cada espécie.