

XII Congresso
Fluminense
de Iniciação Científica
e Tecnológica



V Congresso
Fluminense
de Pós-Graduação

Ciência para o Desenvolvimento Sustentável

Bioinformática e a identificação de genes candidatos para óleo em soja [*Glycine max* (L.) Merr]

Dayana Kelly Turquetti de Moraes, Kanhu Charan Moharana, Fabrício de Almeida Silva,
Fabrício Brum Machado, Thiago Motta Venancio

A soja é uma importante fonte nutricional com cerca de 40% de proteína e 21% de óleo no grão. Por seu alto valor comercial, a biossíntese de óleo na semente tem sido extensivamente explorada. Há 10 anos, a partir do sequenciamento do genoma da soja, observou-se que 75% dos genes ocorrem em duas ou mais cópias, limitando o entendimento da divergência funcional sofrida por esses genes. Somado a isso, a síntese de óleo é uma característica quantitativa complexa, significativamente afetada por fatores genéticos e ambientais. Nesse sentido, é de grande importância a descoberta de genes-chave expressos de maneira estável que, conseqüentemente, poderão ser aplicados ao melhoramento molecular da soja. Desde 1992, um grande conjunto de dados sobre a localização de QTLs relacionados à síntese de óleo e a identificação de SNPs têm sido reportados. Apesar disso, ainda há pouco na literatura sobre a integração desses dados na busca por genes-chave em regiões de maior confiança e estabilidade. Portanto, com o auxílio de ferramentas da bioinformática realizamos a integração de dados públicos de mapeamento de ligação, metanálises, mapeamento associativo e regiões *sweeps* para investigar a co-localização desses dados no genoma da soja e identificamos regiões mais estáveis com um menor número de genes candidatos a serem explorados. Além dos genes já consagrados, encontramos 16 novos potenciais candidatos para o aumento do conteúdo de óleo distribuídos em 07 dos 20 cromossomos da soja. Cerca de 37,6% dos novos genes encontrados não apresentam anotação funcional. No cromossomo 03, identificamos um gene que codifica para uma proteína translocadora de membrana (TSPO) cujos testes em mutantes de *Arabidopsis thaliana* demonstraram um aumento de 50% no acúmulo de ácidos graxos em semente, de forma tecido-específico. Dentre os genes com correlação positiva com semente, observamos uma estreita relação entre o metabolismo de lipídeos e defesa contra estresses bióticos e abióticos. Ademais, encontramos fatores de transcrição que podem desempenhar papéis cruciais na regulação da síntese de óleo. Os genes reportados em nosso estudo são alvos promissores para programas de melhoramento genético e experimentos de campo que almejam o aumento do conteúdo e da qualidade do óleo de soja.

Palavras-chave: óleo, ácido graxo, melhoramento, meta-QTL.

Instituições de fomento: CAPES, UENF-Faperj e CNPQ.