

**XV Congresso  
Fluminense  
de Iniciação  
Científica e Tecnológica**

**28<sup>o</sup>**

Encontro de  
Iniciação  
Científica  
da UENF

**20<sup>o</sup>**

Circuito de  
Iniciação  
Científica do  
IFFluminense

**16<sup>a</sup>**

Jornada de  
Iniciação  
Científica  
da UFF



**UIII Congresso  
Fluminense de  
Pós-Graduação**

**23<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
da UENF

**8<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
do IFFluminense

**8<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
da UFF

## **Evolução de famílias gênicas relacionadas ao conteúdo de óleo em soja e feijão**

*Dayana Kelly Turquetti de Moraes, Cláudio Benício Cardoso da Silva, Fabrício de Almeida Silva, Thiago Motta Venancio*

As leguminosas (*Fabaceae*) são o terceiro maior grupo dentro das angiospermas com uma grande diversidade e valor nutricional. O alto teor proteico em proporção equilibrada com carboidratos e óleo nos grãos explicam a importância das leguminosas na nutrição humana, animal e em aplicações industriais. Contudo, parte significativa das bases genéticas de tais características permanecem pouco conhecidas. Por exemplo, ainda faltam investigações sistemáticas acerca do impacto dos eventos de duplicação do genoma (WGD, do inglês *Whole Genome Duplication*) na história evolutiva de famílias gênicas relacionadas à qualidade nutricional (e.g. constituição do óleo no grão). Leguminosas como soja (*Glycine max*) e feijão (*Phaseolus vulgaris*) divergiram há 19 milhões de anos (ma). Essas espécies compartilharam um evento de WGD há 59 ma, enquanto o evento mais recente (há 13 ma) ocorreu apenas no gênero *Glycine*, tornando a soja um modelo para a análise dos efeitos de WGD na evolução de famílias gênicas (FGs). O objetivo deste trabalho foi investigar os padrões evolutivos e a divergência funcional de FGs relacionadas ao conteúdo de óleo no grão de soja e feijão. Usando o Orthofinder e o CAFE (do inglês, *Computational Analysis of gene Family Evolution*), comparamos os genomas de 30 leguminosas e estimamos suas taxas de expansão ou contração gênica. Aproximadamente, 95% dos genes codificadores destas proteínas foram agrupados em 48.869 ortogrupos (OGs), com o maior número de duplicações no gênero *Glycine* (18.512 genes). Soja e feijão compartilharam 15.299 OGS, dos quais 855 estão relacionados ao conteúdo de óleo. Dentre esses OGS, identificamos que 46 e 7 foram significativos para expansão e contração gênica em soja, respectivamente. Dentre tais FGs estão, por exemplo, genes codificadores de fatores de transcrição e proteínas P450. Muitos destes genes sofreram divergência transcricional em soja e feijão. Ainda, genes pertencentes a essas famílias foram co-expressos em módulos associados ao período de maturação da semente, crucial para o preenchimento dos grãos. Por fim, identificamos genes codificadores de proteínas de função desconhecida nestes mesmos módulos, o que permite a identificação de potenciais novos genes envolvidos em características importantes. Um exemplo é o gene Glyma.11G252800, provavelmente envolvido na constituição de corpos oleaginosos. Nossos resultados têm aplicações no melhoramento da soja e contribuem parcialmente na compreensão dos processos evolutivos que moldaram a diversidade metabólica em soja e feijão.

Palavras-chave: poliploidização; teor de óleo; RNA-seq.

*Instituição do Programa de PG:* Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF

*Eixo temático:* PPG Biotecnologia Vegetal

*Fomento da bolsa:* CAPES

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



**XV Congresso  
Fluminense  
de Iniciação  
Científica e Tecnológica**

**28<sup>o</sup>**

Encontro de  
Iniciação  
Científica  
da UENF

**20<sup>o</sup>**

Circuito de  
Iniciação  
Científica do  
IFFluminense

**16<sup>a</sup>**

Jornada de  
Iniciação  
Científica  
da UFF



**U III Congresso  
Fluminense de  
Pós-Graduação**

**23<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
da UENF

**8<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
do IFFluminense

**8<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
da UFF

## Evolution of gene families related to oil traits in soybean and common bean

*Dayana Kelly Turquetti de Moraes, Cláudio Benício Cardoso da Silva, Fabrício de Almeida Silva,  
Thiago Motta Venancio*

Legumes (Fabaceae) are the third largest group within angiosperms with great diversity and nutritional value. Legumes have a high protein content in balance with carbohydrates and oil in the seeds, which makes them essential in human and animal nutrition, as well as in industrial applications. However, much of the genetic basis underlying these characteristics is not yet fully understood. For instance, there is a lack of systematic investigations concerning the impact of whole genome duplication events (WGD) on the evolutionary history of gene families (GFs) related to nutritional quality (e.g., seed oil constitution). Two significant legume species, soybean (*Glycine max*) and common bean (*Phaseolus vulgaris*), diverged 19 million years ago (mya). These species shared a WGD event 59 mya, while the most recent event (13 mya) occurred only in the genus *Glycine*, making soybean a model for analyzing the effects of WGD on the evolution of GFs. In this study, we aimed to investigate the evolutionary patterns and functional divergence of GFs to oil related traits in soybean and common bean. We utilized Orthofinder and CAFE (Computational Analysis of gene Family Evolution) to compare the genomes of 30 legumes and estimated their rates of gene expansion or contraction. Approximately 95% of the encoding genes for these proteins were grouped into 48,869 orthogroups (OGs), with the highest number of duplications in the genus *Glycine* (18,512 genes). Soybean and common bean shared 15,299 OGs, of which 855 were associated with oil related traits. Among these OGs, we identified 46 and 7 that were significant for gene expansion and contraction in soybean, respectively. Examples of such GFs include genes encoding transcription factors and P450 proteins, many of which underwent transcriptional divergence in soybean and common bean. Moreover, genes belonging to these families were co-expressed in modules associated with seed maturation period, which is critical for seed filling. Finally, we identified genes encoding proteins of unknown function in these same modules, which allowed us to identify potential new genes involved in important traits, such as the gene Glyma.11G252800, which is probably involved in the constitution of oil bodies. Our results have applications in soybean breeding and contribute to a better understanding of the evolutionary processes that shaped metabolic diversity in soybean and common bean.

Key words: polyploidization, oil content, and RNA-seq.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

