

XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o

Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a

Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



U III Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

AÇÃO DA METILAÇÃO DO DNA ASSOCIADO AO PERFIL DE EXPRESSÃO GÊNICA EM CULTIVARES DE *Glycine max* SUSCETÍVEIS E TOLERANTES AO ESTRESSE OSMÓTICO

Felipe Cruz Paula 1, Paula Machado Araújo 2, Geovanna Vitória Olímpio 3, Giulia Bousquet da Silva Pinto 4, Clícia Grativol Gaspar de Matos 5

De origem asiática e pertence à família Fabaceae a soja é uma das culturas de leguminosas mais importantes economicamente, com uma grande relevância para a alimentação global. Ainda assim, aproximadamente 50% da cultura da soja é impactada com estresses abióticos, que tendem a aumentar com as mudanças climáticas. Aliado a isso, os mecanismos epigenéticos podem auxiliar nas respostas de plantas a diferentes estresses e compreender como esses mecanismos estão associados com a tolerância a várias condições é de grande importância, uma vez que modulação de padrões de expressão gênica específicos podem ser alvo de ferramentas biotecnológicas. Com o intuito de investigar o transcriptoma da soja em condições de déficit hídrico, esta pesquisa comparou os perfis de expressão gênica de genótipos contrastantes de soja (Embrapa 48 e BR 16) por RNA-seq. Além disso, examinou a ação da metilação do DNA sob a ação de 5-azacitidina nos mesmos genótipos. Os dados transcriptômicos da soja foram obtidos in the NCBI Sequence Read Archive (SRA) database (Accession:PRJNA615913). Logo após, foi realizada a filtragem dos reads por FASTX toolkit e o mapeamento do genoma (*Glycine max* Wm82.a2.v1) por Hisat2. Em seguida, foram separados por biblioteca por Stringtie e utilizado Stringtie merge e Gffcompare para a comparação e união das anotações gênicas, a partir dos arquivos GFF. Por fim, os dados foram normalizados por TPM, assim foi utilizado o programa feature Counts para identificar as leituras mapeadas por características genômicas e gerado Heatmapper (<http://www.heatmapper.ca/expression>) para análise de expressão gênica. Para avaliação da ação da metilação global do DNA sob a ação de 5-azac em cultivares de soja, as sementes foram germinadas em tubos de ensaio contendo 20 mL de meio MS 1/2 força com sacarose (30 g/L) e com 25mM de inibidor de metilação 5-azac, após o período de 7 dias foram avaliados parâmetros fenotípicos. A diferença da resposta da Embrapa 48 e BR 16 em amostras de folhas e raízes é notável e explica o melhor desempenho da cultivar Embrapa 48 em seca. As folhas geraram um maior número de genes "up-regulated", e os dados mostraram que a Embrapa 48 responde ao déficit hídrico mais rapidamente do que a BR 16, apresentando mais genes diferencialmente expressos desde os níveis moderados. Além disso, as análises da ação da metilação do DNA sob a ação de 5-azac em soja, demonstraram alterações fisiológicas nas raízes em ambas as cultivares. No entanto, o desempenho da cultivar Embrapa 48 tratada com inibidor de metilação destacou-se quando comparadas as variáveis de desenvolvimento vegetal. Sugere-se uma possível resposta desta cultivar a diferentes estresses.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro
Eixo temático: Biotecnologia Vegetal
Fomento da bolsa: FAPERJ

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o

Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a

Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



U III Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

THE ROLE OF DNA METHYLATION ASSOCIATED WITH GENE EXPRESSION PROFILE IN *Glycine max* SUSCEPTIBLE AND TOLERANT CULTIVARS TO OSMOTIC STRESS

Felipe Cruz Paula 1, Paula Machado Araújo 2, Geovanna Vitória Olímpio 3, Giulia Bousquet da Silva Pinto 4, Clícia Grativol Gaspar de Matos 5

Of Asian origin, soybean belongs to the family Fabaceae and is one of the most economically important legume crops, with a great relevance for global food. However, approximately 50% of the soybean crop is impacted by abiotic stresses, which tend to increase with climate change. Allied to this, epigenetic mechanisms can assist in plant responses to different stresses and understanding how these mechanisms are associated with tolerance to various conditions is of great importance, since modulation of specific gene expression patterns can be the target of biotechnological tools. In order to reveal new perspectives on understanding the soybean transcriptome under water deficit conditions, this research compared the gene expression profiles of contrasting soybean genotypes (Embrapa 48 and BR 16) by RNA-seq, enabling an analysis of the main molecular features that differentiate these cultivars. In addition, it examined the action of DNA methylation under 5-azacytidine in the same genotypes. The transcriptomic data of soybean grown under water deficit conditions were obtained in the NCBI Sequence Read Archive (SRA) database (Accession: PRJNA615913). The reads were then filtered by FASTX toolkit and mapped to the soybean genome (*Glycine max* Wm82.a2.v1) by Hisat2. Then, the transcripts were separated by library by Stringtie tool and Stringtie merge and Gffcompare were used for comparison and union of the gene annotations from the GFF files. Finally, the data were normalized by TPM, thus the program Feature Counts was used to identify the reads mapped by genomic features and Heatmapper (<http://www.heatmapper.ca/expression>) was generated for gene expression analysis of tissues under water deficit conditions. To evaluate the action of global DNA methylation under 5-azac in soybean cultivars, seeds were germinated in test tubes containing 20 mL of MS 1/2 strength medium with sucrose (30 g/L) and with 25mM of 5-azac methylation inhibitor. The difference found in the response of Embrapa 48 and BR 16 in leaf and root samples is remarkable and explains the better performance of Embrapa 48 cultivar under drought conditions. Indeed, leaves generated a higher number of "up-regulated" genes, and the data showed that Embrapa 48 responds to water deficit faster than BR 16, showing more differentially expressed genes from moderate levels. Furthermore, analyses of DNA methylation action under 5-azac in soybean showed physiological changes in roots in both cultivars. However, the performance of the Embrapa 48 cultivar treated with methylation inhibitor stood out when comparing the plant development variables. Thus, a possible response of this cultivar to different stresses is suggested.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

