



CONEPE 2019

**VI CONGRESSO DE ENSINO,
PESQUISA E EXTENSÃO**

educação, ciência e tecnologia para o desenvolvimento sustentável



**INSTITUTO
FEDERAL
Fluminense**
Campus
Campos Guarus

ISSN 2525-975X

Redes de co-expressão gênica revelam aspectos fundamentais acerca da evolução e regulação transcricional em soja (*Glycine max*)

Fabricio Almeida-Silva^{1*}, Fabricio Brum Machado¹, Kanhu Charan Moharana¹, Rajesh Kumar Gazara¹, Thiago Motta Venancio¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF)

*fabricio_almeidasilva@hotmail.com

A soja (*Glycine max* (L.) Merr.) é uma das Fabaceae mais produzidas no mundo, com lucro representando uma fração significativa do PIB brasileiro. Sua capacidade de fixação biológica de nitrogênio (N₂) tem importante papel ecológico, pois reduz a demanda por fertilizantes químicos. As redes de co-expressão (GCN) têm sido amplamente utilizadas para elucidar a complexidade regulatória e evolução de genes e suas funções. No presente trabalho, nós reconstruímos GCNs usando 1298 amostras de RNA-seq disponíveis publicamente, compreendendo 12 tecidos distintos. Os dados brutos do sequenciamento (i. e. “reads”) foram mapeados contra o genoma de referência da soja (Wm82.a2.v1) e a abundância relativa de transcritos foi estimada em Transcritos Por Milhão de reads (TPM). A rede foi reconstruída e visualizada em ambiente R usando os pacotes *WGCNA* e *igraph*, respectivamente. Genes co-expressos foram agrupados em 29 módulos. Nós exploramos as propriedades gerais da rede e encontramos módulos importantes cujos genes são regulados positivamente em tecidos específicos. Análises de enriquecimento desses módulos revelaram processos biológicos e vias metabólicas que são essenciais a certos tecidos e podem ter contribuições fundamentais para o desenvolvimento da planta. Também identificamos fatores de transcrição que podem ser importantes reguladores da expressão gênica em tecidos particulares. Observamos que os genes com maior número de conexões na rede codificam proteínas fundamentais para a célula vegetal, como a enzima succinato-desidrogenase, peroxidases e subunidades da RNA-polimerase. Ainda, analisamos a distribuição de genes parálogos da soja dentre os módulos a fim de melhor compreender o destino de genes duplicados após a poliploidização. A maioria dos genes duplicados estava em módulos diferentes, revelando que a subfuncionalização em diferentes tecidos é o destino mais comum. Os achados ajudam a compreender a importância da poliploidização para a evolução e complexidade do genoma da soja.

Palavras-chave: Bioinformática, Poliploidização, Fatores de transcrição.

Instituição de fomento: CNPq, FAPERJ, CAPES.