



Estudo da regulação transcricional durante a germinação em soja (*Glycine max*) a partir de redes de co-expressão gênica

Fabrício Almeida-Silva, Fabricio Brum Machado, Kanhu Charan Moharana, Thiago Motta Venancio

A soja é a oleaginosa mais produzida no mundo, tendo papel fundamental tanto no setor alimentício (para o consumo humano e animal) quanto industrial. Após a publicação do genoma da soja há aproximadamente 8 anos, dezenas de trabalhos de transcriptoma foram publicados. As redes de co-expressão gênica têm sido amplamente utilizadas em estudos transcriptômicos, buscando entender relações funcionais entre grupos de genes e sua complexidade regulatória, bem como na predição de funções de genes pouco conhecidos. Nosso grupo estudou previamente genes diferencialmente expressos durante a germinação em soja e identificou fatores de transcrição diferencialmente expressos que podem ser reguladores importantes da germinação. No presente trabalho, nosso objetivo foi construir redes de co-expressão gênica de embriões de soja durante a germinação, a fim de encontrar grupos de genes reguladores de processos biológicos importantes e compreender a dinâmica de regulação transcricional durante a germinação. Foram integrados dados transcriptômicos de embriões coletados em 0, 3, 6, 12 e 24 horas após a embebição, além de embriões em desenvolvimento, do 5º dia ao 55º dia após atingir o estágio reprodutivo R5, totalizando 40 amostras. Os dados de sequenciamento brutos (i.e. “reads”) foram mapeados contra o genoma de referência usando o software STAR e os níveis transcricionais foram estimados e normalizados (em FPKM) com o software StringTie. As redes de co-expressão foram construídas com o pacote WGCNA em ambiente R. Nós exploramos as propriedades gerais das redes construídas e identificamos módulos regulatórios de grande importância, que foram utilizados para correlacionar genes a vias metabólicas e processos biológicos críticos ao desenvolvimento da planta. Nossos resultados revelaram diversos módulos gênicos contendo fatores de transcrição que têm papel provavelmente fundamental nas transições morfológicas e fisiológicas que ocorrem na germinação, podendo ser priorizados em experimentos futuros para compreender melhor a regulação da germinação em soja.

Palavras-chave: Co-expressão gênica, Transcriptômica, Regulação gênica.

Instituição de fomento: CNPq, FAPERJ, CAPES.