

## Prospecção de genes relacionados à biossíntese e transporte de aminoácidos em cultivares de soja com coloração de tegumento contrastante

João Mateus Kafer<sup>1</sup>; Mayla Daiane Correa Molinari<sup>2</sup>; Daniel de Amorim Barbosa<sup>3</sup>; Viviani Marques<sup>4</sup>; Silvana Regina Rockenbach Marin<sup>5</sup>; Alexandre Lima Nepomuceno<sup>5</sup>; Liliane Marcia Mertz-Henning<sup>5</sup>; Fernando Augusto Henning<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Londrina, Centro de Ciências Exatas, Londrina, PR, Brasil. Joãokafer1@gmail.com;

<sup>2</sup>Bolsista de Pós-Doutorado Embrapa Soja, Londrina, PR, Brasil; <sup>3</sup>Universidade Estadual de Londrina, Centro de Ciências Biológicas, Londrina, PR, Brasil; <sup>4</sup>Bolsista de Pós-Doutorado Funarbe/Embrapa Soja, Londrina, PR, Brasil;

<sup>5</sup>Embrapa Soja, Londrina, PR, Brasil.

### Resumo

A soja é uma cultura rica em proteína e em aminoácidos essenciais, fundamentais para a alimentação humana e animal. Cultivares de tegumento preto possuem maior qualidade proteica quando comparadas às cultivares de tegumento amarelo. Este estudo buscou identificar no transcriptoma de soja com coloração de tegumento preto e amarelo, genes relacionados à biossíntese e transporte de aminoácidos e selecionar genes alvo para gerar plantas que apresentem maior teor de proteínas nos grãos. Para prospecção gênica foram utilizadas as cultivares BRSMG 715A (tegumento preto), DM 6563 IPRO (tegumento amarelo) e BRS 413 RR (Tegumento amarelo). O RNA do grão inteiro maduro foi extraído sob duas condições de tratamento (T0 - Recém-colhidas e CF - 6 meses de armazenamento em câmara fria) em triplicata biológica. As amostras foram sequenciadas na plataforma Illumina NextSeq 500 e analisadas em pipeline de bioinformática previamente descrito. Entre os dois tratamentos foram identificados 318 genes comuns a todas as cultivares e presentes em todos os tratamentos. Das vias enriquecidas mais expressas na cultivar BRSMG 715A, observou-se que 5% dos genes estão relacionados à biossíntese de aminoácidos e 2,86% estão associados transportadores de aminoácidos. Os genes apresentam expressão relativa, em média, 4x maior na BRSMG 715A em relação às cultivares de tegumento amarelo (DM 6563 IPRO e BRS 413 RR), entre eles destacam-se os genes cystathionine beta-lyase (metc) e adenosylhomocysteinase (SHase), ambos relacionados à biossíntese de aminoácidos sulfurados, entre os transportadores foram identificados *aminoacid transporter*, relacionados ao enchimento de grão. Os três genes destacados estão relacionados à biossíntese e transporte de aminoácidos. Todos estão mais expressos na cultivar de tegumento preto que apresenta maior qualidade proteica. Estes genes podem ter forte correlação positiva com a maior qualidade proteica observadas nessa cultivar. Sendo alvos promissores para obtenção de cultivares ricas em qualidade de proteína.

**Termos para indexação:** *Glycine max*; tegumento preto; transcriptoma