

INTEGRAÇÃO DE DADOS DE TRANSCRIPTÔMICA A UM MODELO GENÔMICO DE *Solanum lycopersicum*

Wesley Evangelista - wesley.evangelista@ufv.br; Filipe Augusto Teixeira - filipe.a.teixeira@ufv.br;
Ciro César Rossi - ciro.rossi@ufv.br; Tiago Antônio de Oliveira Mendes - tiagoamendes@ufv.br

Palavras-chave: Tomate, Modelo metabólico, Bioinformática

Introdução

O tomate (*Solanum lycopersicum*) é um dos vegetais mais populares do mundo e o principal modelo utilizado no estudo do desenvolvimento de frutas frescas. Entretanto, a nível de redes interconectadas, o fluxo das vias metabólicas que participam ou até mesmo coordenam o processo de amadurecimento do fruto não é bem estabelecido. Por meio do uso de ferramentas de bioinformática, tal como o uso de um modelo metabólico *in silico*, pode ser possível explorar uma rede tão complexa de interação entre fatores metabólicos e possivelmente permitir uma melhor associação dos elementos que as compõem.

Objetivo

Este estudo tem por objetivo a integração de dados de transcriptômica de tecidos de tomate em diferentes estágios do processo de amadurecimento do fruto a um modelo genômico de *S. lycopersicum* visando o desenvolvimento de um modelo-contexto específico.

Materiais e Métodos

SRA	Tecido	Tempo
SRR5724280	Equatorial of Placenta	MG
SRR5724281	Equatorial of Placenta	MG
SRR5724282	Equatorial of Placenta	MG
SRR5724399	Stem of Placenta	MG
SRR5724400	Stem of Placenta	MG
SRR5724284	Stem of Placenta	MG
SRR5724278	Stylar of Placenta	MG
SRR5724279	Stylar of Placenta	MG
SRR5724292	Stylar of Placenta	MG

Figura 1: Números de acesso dos dados de transcriptômica utilizados neste estudo e seus respectivos tecidos no tempo MG (medium green).

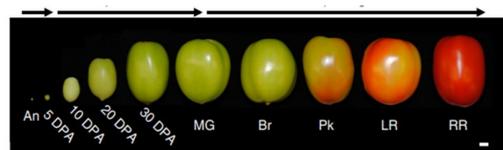


Figura 2: Tomates em processo de amadurecimento (Shinozaki, 2018).

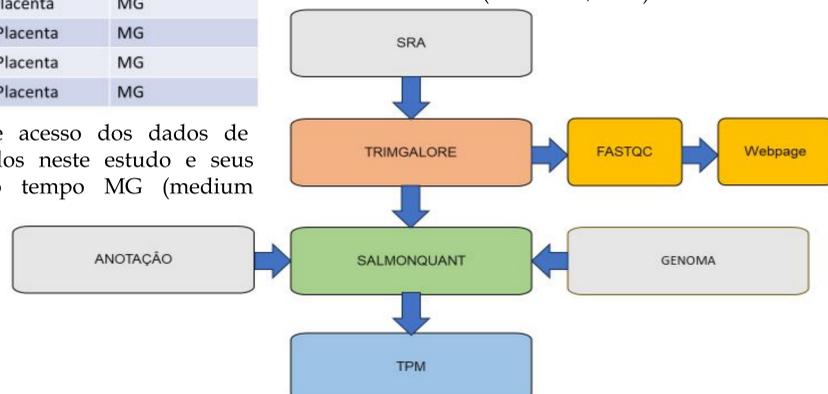


Figura 3: Fluxo de trabalho do processamento dos dados *in silico*.

Resultados e Discussão

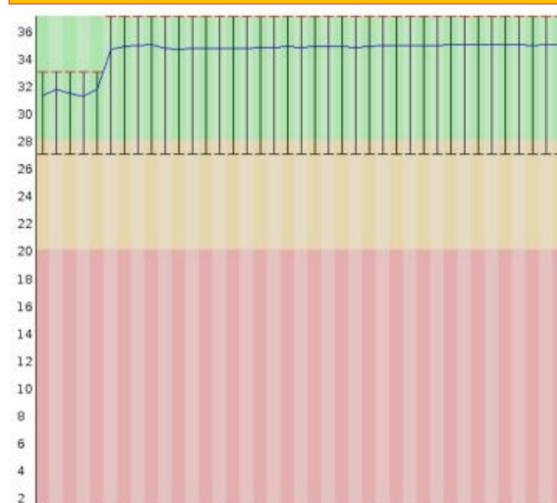


Figura 4: Gráfico da relação de qualidade avaliada pelo algoritmo *TrimGalore* referente ao conjunto de dados SRR5724292 com o valor de *phred* em 30. Nota-se que a média da qualidade das leituras ao longo da sequência é superior ao valor de corte (linha azul).

Gene	TPM
Solyc00g500019.1.1	0.000000
Solyc00g500020.1.1	0.147853
Solyc00g500021.1.1	5.261372
Solyc00g500022.1.1	1.373460
Solyc00g180440.2.1	0.853930
Solyc00g500023.1.1	1.411625
Solyc00g500024.1.1	0.305373
Solyc00g500025.1.1	0.000000
Solyc00g500026.1.1	0.000000

Figura 5: Resultado parcial da determinação do parâmetro de transcritos por milhão (TPM) do conjunto de dados SRR5724292.

Conclusão

O modelo-contexto específico de *S. lycopersicum* desenvolvido pela integração dos dados de transcriptômica a um modelo genômico pode permitir um melhor entendimento do fluxo metabólico relacionado ao processo de amadurecimento do fruto e contribuir para a elucidação de estratégias visando a conservação pós-colheita.

Bibliografia

- Shinozaki, Y., Nicolas, P., Fernandez-Pozo, N. *et al.* High-resolution spatiotemporal transcriptome mapping of tomato fruit development and ripening. *Nat Commun* 9, 364 (2018). <https://doi-org.ez35.periodicos.capes.gov.br/10.1038/s41467-017-02782-9>
- Gapper, N. E., Giovannoni, J. J. & Watkins, C. B. Understanding development and ripening of fruit crops in an 'omics' era. *Hortic Res* 1, 1–10 (2014).
- Giovannoni, J., Nguyen, C., Ampofo, B., Zhong, S. & Fei, Z. The Epigenome and Transcriptional Dynamics of Fruit Ripening. *Annu Rev Plant Biol* 68, 61–84 (2017).
- Yuan, H., Cheung, C. Y. M., Poolman, M. G., Hilbers, P. A. J. & Van Riel, N. A. W. A genome-scale metabolic network reconstruction of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) and its application to photorespiratory metabolism. *Plant Journal* 85, 289–304 (2016).

Agradecimentos