

Se identificó un total de 399 genes expresados diferencialmente (GEDs) asociados a metabolismos hormonales entre etapas (Figura S1).

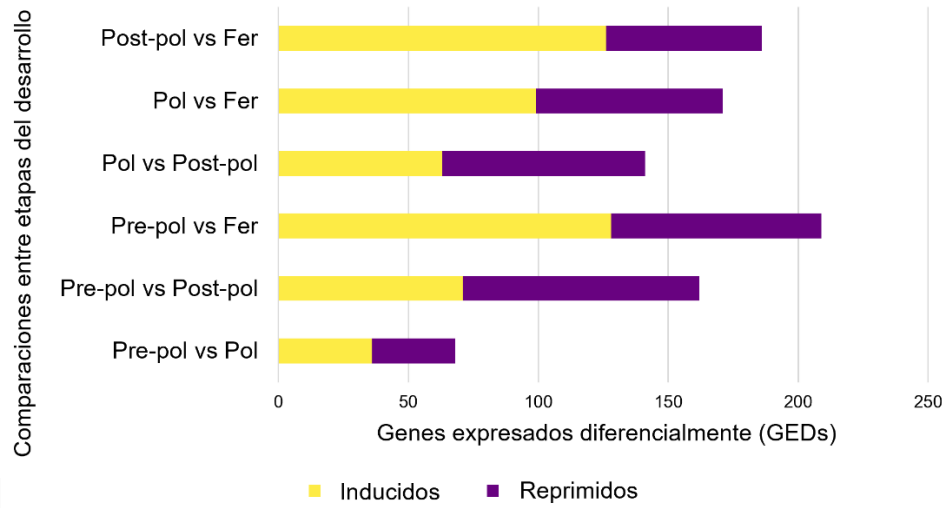


Figura S1. Genes con expresión diferencial (GED) entre etapas de desarrollo asociados a metabolismos hormonales. En color amarillo se muestran los genes inducidos y en morado los genes reprimidos.

Se graficaron los datos de grado de nodo contra el número de nodos con K enlaces, lo que permitió identificar que la red presentó un ajuste del 95% a una distribución exponencial negativa (Figura S2).

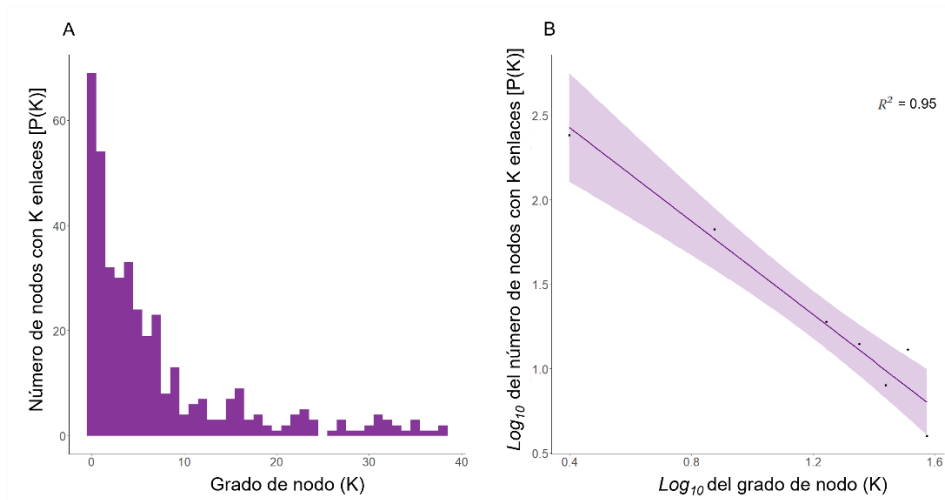


Figura S2. Distribución exponencial negativa de la red de co-expresión. A) Gráfico del grado de nodo (K) vs. Número de nodos con K enlaces [P(K)]. B) Gráfico del Log_{10} del grado de nodo (K) vs. Log_{10} del número de nodos con K enlaces [P(K)].

Se realizó una regresión lineal entre el Log_{10} del grado de nodo y Log_{10} del número de nodos con K enlaces de la red (Cuadro S1). En este sentido, la ordenada al origen y la pendiente resultaron estadísticamente significativas, lo que permitió identificar regresión lineal entre las variables (Cuadro S1). Por lo tanto, se comprobó que la distribución de grado de nodo sigue una ley de potencias negativa con valores de significancia estadística superior al 0.0001, que indican que la red cubre el criterio de libre escala (Cuadro S1).

Cuadro S1. Valor estimado para la ordenada al origen, error estándar, valor de T y *p-value*.

	Valor estimado	Error estándar	Valor de T	<i>p-value</i> $\geq T$
Pendiente (β_0)	2.9044	0.1407	20.64	3.26e-05 ***
Ordenada al origen (β_1)	-1.2867	0.1172	-10.98	0.000391 ***

Códigos de significancia estadística: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Se identificó el número de clústeres que explican la estructura de la red mediante los algoritmos *PAM* y *HCLUST* a través del criterio de la silueta, con el fin de conocer el valor de ancho de silueta más alto (Figura S3). Se aprecia que el algoritmo *PAM* presentó el valor más alto de ancho de la silueta con tres clusters (Figura S3-A) y que la silueta en tres clusters presentó valores positivos que indican una alta similitud intra-grupos (Figura S3-B). Por lo tanto, la estructura de la red de co-expresión se explica a través de tres módulos funcionales (Figura S3).



Figura S3. Número de módulos que explicar la estructura de las redes. A) Gráfico que determina el número de módulos presentes en la red de acuerdo con los algoritmos *PAM* (color azul) y *HCLUST* (color morado). B) Silueta para *PAM* con tres clústers. Cada línea horizontal representa un gen en un grupo determinado.