

Identificação e caracterização filogenética de proteínas R2R3-MYB no genoma da soja e seu perfil transcricional em resposta a patógenos

765-2

(Identification and phylogenetic characterization of R2R3-MYB proteins in the genome of soybean and expression profiling in response to pathogens)

Autores: **AOYAGI, L. N.** (UEL - Universidade Estadual de Londrina / EMBRAPA-SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; **CAITAR, V. S. L.** (EMBRAPA-SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; **POLIZEL-PODANOSQUI, A. M.** (EMBRAPA-SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) **DARBEN, L. M.** - luana.darben@cnpso.embrapa.br (EMBRAPA-SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; **CARVALHO, M. C. D.** (UENP - Universidade Estadual do Norte do Paraná) ; **KUWAHARA, M. K.** (EMBRAPA-SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; **MARCELINO-GUIMARÃES, F. C.** (EMBRAPA-SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária)

Resumo

As proteínas MYB figuram como uma das maiores famílias de fatores de transcrição (FT) em plantas, nas quais desempenham a regulação de importantes processos, incluindo a defesa contra patógenos. Dessas, a classe R2R3-MYB é a mais numerosa e diversificada funcionalmente. Este trabalho objetivou identificar e classificar filogeneticamente a classe R2R3-MYB de soja (GmMYB), fazer sua caracterização transcricional *in silico* em resposta a estresses bióticos e validar alguns destes FT em resposta a infecção com o fungo da ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*). A análise das sequências proteicas permitiu identificar 264 FT R2R3-MYB, classificados em 42 subgrupos, assim como a atribuição de funções putativas aos mesmos, de acordo com a função dos guias MYB de *Arabidopsis thaliana*. Análises *in silico* do perfil de expressão nos bancos Genevestigator e Gensoja revelaram, respectivamente, que 32% e 40,8% dos GmMYB são induzidos em plantas de soja infectadas por *P. pachyrhizi* e em plantas desafiadas por *Aphis glycines*, *Heterodera glycines*, *Pratylenchus brachyurus* ou *Phytophthora sojae*. Análise de expressão por RT-qPCR demonstrou que cinco GmMYB são induzidos em soja durante a interação com *P. pachyrhizi*, exercendo controle putativo sobre importantes rotas de defesa: biossíntese de fenilpropanóides, lignina e resposta à quitina.

Apoio: Capes