



Identificação e análise dos genes relacionados a biossíntese de calose no genoma de soja

Geovanna Olimpio, Sara Sangi, Clícia Grativol

Calose é um polímero de β -1,3--glucano, encontrado na parede celular, que possui um papel essencial em diversos processos durante o crescimento e desenvolvimento das plantas. A calose é sintetizada por genes denominados glucano sintase-like (GSL) que são estritamente relacionados ao transporte intercelular de água, crescimento e diferenciação celular, e formação de barreiras protetoras durante diversos estresses bióticos e abióticos. Em plântulas de soja já foi comprovado que a calose é acumulada durante o estresse hídrico e durante ao ataque de patógenos, bem como induzida por outros estresses, porém não há na literatura a identificação dos genes que sintetizam esse polímero em soja. Nesse sentido, este estudo teve como objetivo identificar os genes envolvidos na biossíntese de calose no genoma de soja. Para tal, foram utilizadas sequências relacionadas aos genes de biossíntese de calose já anotados para *Arabidopsis*, no banco de dados The *Arabidopsis* Information Resource (TAIR) e estas alinhadas contra a montagem do genoma de soja disponível no banco de dados Phytozome12 utilizando a ferramenta Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Foram identificados vinte e três genes relacionados a biossíntese de calose no genoma de soja. Todos os vinte e três genes apresentaram o domínio calose em suas proteínas. Os vinte e três genes foram nomeados de GmGSL1-23 (Glycine max Glucan synthase-Like). A análise filogenética indica que a família de genes calose pode ser classificada em cinco grupos dentro do genoma de soja, o qual é reforçada pela caracterização estrutural dos referidos genes. A análise de duplicação gênica demonstrou que a duplicação segmentar contribuiu significativamente para a expansão da família calose em soja. A grande variação tanto numérica quanto das características que compõem a família gênica GmGSL propõem que os genes divergiram durante a evolução a longo prazo. O desenvolvimento do presente estudo, possibilitou a identificação e compreensão estrutural dos genes de calose em soja. Sua expansão, durante os eventos de duplicação, demonstra que a funcionalidade dos diversos genes relacionados a biossíntese de calose no genoma de soja pode ser ampla e implicar em papéis potenciais durante todo o desenvolvimento da planta.