



## INTERATÔMICA DO FATOR DE TRANSCRIÇÃO FaWRKY18 EM MORANGO (*Fragaria x ananassa*)

PAGANO, ANTONIO DUARTE<sup>1\*</sup>; CRIZEL, ROSANE LOPES<sup>1</sup>; DO NASCIMENTO, AUDREY CRISTINA<sup>2</sup>; GALLI, VANESSA<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Cromatografia e Espectrometria de Massas– DCTA - FAEM; UFPel

<sup>2</sup> Laboratório de Biotecnologia Vegetal; Biotecnologia – CDTec; UFPel

<sup>1\*</sup> E-mail do apresentador: [antonioduartepagano@gmail.com](mailto:antonioduartepagano@gmail.com)

Área de submissão: Vegetal

### RESUMO

O morango (*Fragaria x ananassa*) é a espécie do grupo das pequenas frutas com maior expressão econômica e tradição de cultivo no país, com uma produção aproximada de 70 mil toneladas/ano. Como qualquer outra planta, estão sujeitos a fatores edafoclimáticos, como situações de estresse, sendo uma das maneiras de defesa frente a estas a regulação da expressão gênica, principalmente por meio de fatores de transcrição. A família WRKY está presente entre as dez maiores famílias de fatores de transcrição em plantas e agem como proteínas de ligação ao DNA, assim como resposta a fatores bióticos e abióticos e síntese de metabólitos secundários. Um dos métodos mais eficazes para análise de função de genes é o interatoma. Este compreende o conjunto de interações moleculares em uma célula, descrevendo relações indiretas entre genes. Neste sentido, o presente estudo objetivou analisar a rede de interação de FaWRKY18 com outras proteínas, baseado na co-expressão, utilizando como modelo o organismo *Fragaria x vesca*. A construção da rede de interação para FaWRKY18 baseado no gene homólogo de *Fragaria x vesca* foi realizado usando o *software* STRING 10. De acordo com a base de dados do STRING 10, o fator de transcrição FaWRKY18 possivelmente está envolvido na biossíntese de antocianinas, defesa a patógenos, envelhecimento celular e no desenvolvimento dos tricomas. Com base no interatoma gerado, constatou-se que o fator de transcrição FaWRKY18 (homólogo ao FvWRKY12 em *Fragaria x vesca*) apresenta co-expressão com outras nove outras proteínas. Dentre estas, outros fatores de transcrição como o MYB98, MYB39 e BHLH30, que promovem a formação de um complexo responsável pela regulação da biossíntese de antocioninas, dada pela ativação por ABA, e assim desempenham um papel importante nos processos de amadurecimento e pigmentação dos frutos. Além disso, FaWRKY18 pode estar associada a PHR1, que age em resposta a deficiência de fósforo, regulando a expressão de genes como o FER1 a fim de manter a homeostase de ferro e fósforo. Junto a isto, FaWRKY18 também interage com a ATPase transportadora de cátions, que usa a hidrólise do ATP para conduzir o transporte de prótons para o meio intracelular; a enzima E2, ligada a conjugação da ubiquitina na via do proteossoma 26S; a RV1, proteína envolvida nos processos de reparos a danos no DNA; a subunidade 5a do signalossomo COP9, que tem atividade semelhante a hidrolases e isopeptidases, além de atuar na ligação a íons metálicos; e o fator específico de clivagem e poliadenilação CPSF30, que age no controle pós-transcricional, regulação dos níveis de ácido salicílico e atua como endonuclease. Baseando-se nos dados expostos pelo interatoma, infere-se que o FaWRKY18 está envolvido no amadurecimento dos frutos e na manutenção da integridade celular.

**PALAVRAS-CHAVE:** interatoma; WRKY; morango