

INSETOS GALHADORES E CO-EXPRESSÃO GÊNICA EM EUCALIPTO

Crislaine Costa Calazans¹; Juliana Lopes Souza^{2*}; Valdinete Vieira Nunes¹; Renata Silva-Mann¹.

¹Universidade Federal de Sergipe. ²Universidade Federal de Lavras. *E-mail do autor apresentador: juliana_lopes_souza@live.com.

No Brasil, muitas pragas ameaçam as plantações de eucalipto. Entre elas, a *Leptocybe invasa* Fisher & La Salle 2004. A descoberta de genes e vias de defesa contra estressores bióticos podem ser adotados para melhorar a resistência do *Eucalyptus* à praga e assim, proporcionar um alto impacto na produção dessa cultura. Estudos relatam o papel direto do gene NRT2.5 na defesa da planta. Dados genômicos disponíveis em bancos de dados podem auxiliar a identificar genes relacionados ao NRT2.5 que podem ser responsáveis pelas respostas das plantas a estímulos, sejam eles, bióticos ou abióticos. Dessa forma, objetiva-se identificar genes-chave na resistência a *Leptocybe invasa* por expressão gênica em eucalipto. Para obtenção da rede de co-expressão o gene NRT2.5 foi utilizado como gene de entrada na plataforma GeneMANIA (<https://genemania.org/>). Ela permite encontrar genes que estão relacionados, usando um conjunto grande de dados de associação funcional. Os dados de associação incluem proteínas e interações genéticas, vias, co-expressão, co-localização e similaridade de domínio de proteína. Uma rede de co-expressão do gene NRT2.5 foi formada em um conjunto de 20 genes relacionados, totalizando uma rede de 21 genes co-expressos: NRT2.5, NRT3.1, AT4G31810, AT4G331840, AT2G22730, AT5G10190, SUC3, UNE2, NRT2.1, AT5G42210, NRT2.2, SUC9, 2FL2, AT2G18590, MEE15, PH4.3, NRT2.6, AT5G65887, AT2G16990, NRT2.4, AT2G16980. Foram destacados genes com as funções: transportador de íons na transmembrana, resposta ao nitrato, resposta celular ao nitrogênio reativo, transporte de íons, transporte de íons inorgânicos, transporte de íons inorgânicos na transmembrana e resposta celular a substância inorgânica. Foram observadas 52,06% de interações físicas entre os genes, 21,72% destas são interações previstas, há 18,12% de co-expressão entre esses genes e 4,9% domínios de proteína compartilhados, além de 0,76% de compartilhamento de co-localização. Os genes-alvo encontrados nessa pesquisa podem servir de base para posteriores caracterizações funcionais dos genes de *Eucalyptus* possivelmente relacionados a expressão de resposta à *Leptocybe invasa*.

Palavras-chave: *Leptocybe invasa*; mecanismos de defesa; bancos de dados genômicos.

Agradecimentos: UFS e Capes/CNPq.