

## ESTUDO GENÔMICO E TRANSCRICIONAL DA FAMÍLIA GÊNICA CDPK (*Ca<sup>2+</sup> Dependent Protein Kinase*) EM *Eucalyptus grandis*

Paulo Henrique Claudino<sup>1</sup>; Gabriela Sperotto<sup>1</sup>; Ivânia Lovison<sup>1</sup>; Simone Neumann Wendt<sup>1</sup>; Henrique Moura Dias<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Tecnológica Federal do Paraná. <sup>2</sup>Universidade de São Paulo. \*E-mail do autor apresentador: claudinop05@gmail.com

A família gênica de CDPK (*Ca<sup>2+</sup> dependent protein kinase*) se destaca por funções biológicas associadas à resistência vegetal contra o estresse biótico e abiótico. As CDPK são uma classe de enzimas envolvidas na transdução de sinais intracelulares a partir de flutuações na concentração de íons  $Ca^{2+}$  atuando na fosforilação de proteínas e ativando reações que regulam vias de sinalização ou estimulam diretamente defesas nas plantas. Dessa forma, identificar e caracterizar genes ligados às CDPK em *E. grandis* possibilita o uso de recursos genéticos no melhoramento para favorecer a disseminação de genótipos adequados a condições de estresse. Com base nisso, este trabalho teve como objetivo a identificação e caracterização transcricional de CDPKs em *E. grandis* durante estresses bióticos e abióticos. As CDPKs foram identificadas em *E. grandis* usando como referência o gene AT1G50700 de *A. thaliana*. De início, foi confirmada a presença dos domínios proteicos em análise na base de dados Pfam. Os conjuntos de dados RNAseq de *E. grandis* utilizados foram obtidos do NCBI BioProject sob o código de acesso PRJNA698593 (experimento de temperatura/ $CO_2$ ) e PRJNA588626 (experimento de infecção por *Austropuccinia psidii*). O processamento de dados seguiu: (I) FastQC foi usado em todos os dados para controle qualidade; (II) TrimGalore! removeu adaptadores presentes; (III) em seguida, o Salmon v1.1.0102 foi usado para estimar os níveis de expressão de transcrição em Transcritos por Milhão (TPM) transformadas como  $\log_{10}(TPM+1)$ ; em seguida foi utilizado a ferramenta DESeq2 para análise de genes diferencialmente expressos; por fim, foi usado código R para visualização dos dados. Foram identificados 17 ortólogos de genes CDPKs em *E. grandis*. Destes, 14 possuem proteínas com estruturas típicas e que foram agrupadas em quatro clados distintos durante a análise evolutiva, implicando na existência de um ancestral comum. Além disso, a análise revelou que as CDPKs da espécie não seguem a tendência de duplicação em tandem que é comum no genoma da espécie, demonstrando um perfil único de disseminação de tais genes. Dos 17 genes encontrados, somente quatro são diferencialmente expressos durante a infecção por *A. psidii*. Já durante exposição ao  $CO_2$ , somente três genes foram diferencialmente expressos. O padrão de expressão indica uma possível neofuncionalização dos genes CDPK após os eventos de duplicações no genoma de *E. grandis*. A partir desse estudo, é possível uma melhor compreensão de CDPK em eucalipto e o seu possível papel na tolerância a estresses.

**Palavras-chave:** Eucalipto; Planta-ambiente-microrganismos; Bioinformática.

**Agradecimentos:** Agradeço à UTFPR e a USP por tornar possível a realização deste projeto.

**VII CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS**  
**8 a 11 de novembro de 2022**  
**ISBN: 978-65-88187-06-7**

