

## GENES RESPONSÁVEIS PELA PRODUÇÃO DE LIGNINA RESPONDEM A ESTRESSES BIÓTICO E ABIÓTICO EM *Eucalyptus grandis*

Gabriela Sperotto<sup>1</sup>; Paulo Henrique Claudino<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: gabi-sperotto@hotmail.com

A seleção de materiais superiores leva em consideração a capacidade de tolerar estresses bióticos e abióticos, portanto compreender a diversidade genética de genes da via de lignina pode contribuir para a tomada de decisão em programas de melhoramento genético do *Eucalyptus grandis*. Condições estressantes podem alterar a arquitetura e a composição da parede celular vegetal, junto a ela a produção de lignina, um dos resíduos de difícil tratamento das indústrias de papel e celulose. Este estudo identificou os genes da via dos monolignóis desta espécie, bem como seus padrões de expressão na resposta aos estresses. As sequências de ortólogos da via foram identificadas em *E. grandis* com base na anotação de *Populus trichocarpa* na plataforma *Plaza Database*. A presença dos domínios proteicos foi confirmada 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 (estresse abiótico) e PRJNA588626 (estresse biótico). O *pipeline* de processamento dos conjuntos de dados seguiu: (I) *FastQC* para controle qualidade dos *reads*; (II) *TrimGalore!* para cortar quaisquer adaptadores; (III) *Salmon quant* para estimar os níveis de expressão de transcrição apresentados como Transcritos por Milhão (TPM) e transformadas em log<sub>10</sub> (TPM+1); (IV) a ferramenta *DESeq2* para análise de genes diferencialmente expressos; (V) enfim, o *software R* para visualização dos dados. Foram identificados 27 genes responsivos aos estresses analisados. Destes, cinco genes são modulados por estresse biótico, 13 por estresse abiótico e nove por ambos. Além disso, foram observados genes que possuem a sua expressão aumentada e outros, diminuída em cada tipo de estresse. O estresse biótico reprimiu a expressão de 18 genes, enquanto apenas quatro tiveram sua expressão aumentada. Estes últimos fazem parte da família proteica OMT, que participam da conversão dos monolignóis álcool coniferil e álcool sinapil, o que pode indicar uma preferência na produção destes dois monolignóis sobre o álcool p-cumaril. Além disso, há a possibilidade de diminuição da produção de lignina total devido à repressão dos demais genes. Nossas descobertas fornecem observações quanto aos genes da via de síntese de lignina em eucalipto sob duas condições de estresse e podem direcionar estudos futuros para entender o papel desses genes na resposta durante a interação planta-patógeno e exposição a atmosfera com elevada concentração de dióxido de carbono.

**Palavras-chave:** Parede celular secundária; RNA-seq; Bioinformática.

**Agradecimentos:** Agradeço a UTFPR por apoiar e possibilitar a realização dessa pesquisa.