



## Análise de transcriptoma de clones de *Eucalyptus grandis* revela superexpressão constitutiva de genes relacionados à resistência à *Austropuccinia psidii*

Universidade Federal de Viçosa

João Pedro Sillos Damitto Tinoco<sup>1</sup> Universidade Federal de Viçosa /joaosillos@gmail.com, Samuel Alves dos Santos<sup>2</sup> Departamento de Fitopatologia /Universidade Federal de Viçosa ssalves17@gmail.com, Pedro Marcus Pereira Vidigal<sup>3</sup>, Acelino Couto Alfenas<sup>4</sup> Departamento de Fitopatologia / Universidade Federal de Viçosa /aalfenas@ufv.br

Palavras-chave: *Puccinia psidii*, RNA-Seq, Resistência e *E. grandis*.

### Introdução

*Austropuccinia psidii*, agente causal da ferrugem das *Myrtaceae* tem sido considerado um importante fitopatógeno principalmente devido a sua ampla e crescente gama de hospedeiros ao redor do mundo. A seleção e plantio de clones de eucalipto resistentes têm sido a principal estratégia para o manejo da doença no Brasil, porém, os mecanismos envolvidos na resistência à *A. psidii* ainda são poucos conhecidos.

### Objetivos

O objetivo deste estudo foi, avaliarmos, por RNA-Seq, o perfil de expressão genica de dois clones de *E. grandis* contrastantes quanto ao nível de resistência à ferrugem.

### Material e Métodos

Foi realizado o sequenciamento por RNA-Seq, em seguida mapeamos dos resultado as redes no genoma do *E. grandis* e então calculamos o numero de genes diferencialmente expressos. Após esses processos foi realizado um enriquecimento GO dos DEGs, para ver quais rotas metabólicas esses genes diferencialmente estavam relacionados.

### Resultados e Discussão

O clone resistente teve uma superexpressão de um grande número de genes codificadores de proteínas em comparação com o suscetível (Fig.1). Tais genes são relacionados principalmente à transdução de sinal, fotossíntese, regulação e resposta ao ácido salicílico (SA), proteínas kinase com receptores ricos em leucina (PK-LRR), além de genes de resistência propriamente dito (proteínas R). (Tabela 1).

Resistência a doenças mediada por PK-LRR e SA é bem conhecida por ser eficaz contra patógenos biotróficos, como *A. psidii*. As 24h após a infecção, foi possível identificar que o genótipo suscetível infectado foi capaz de ativar alguma resposta de defesa (Tabela 1), entretanto, vários genes e rotas metabólicas relacionadas à resistência de plantas a patógenos tiveram seu nível de expressão reduzido após a infecção de *A. psidii*.

Tabela 1 - Anotação de genes no genoma nuclear haploide de *Austropuccinia psidii*

Genes codificadores de proteínas	20 184
CDS* (Mbp)	24.10
RNA ribossomal (rRNA) genes	
5S	10
5.8S	6
18S	5
28S	8
RNA transportador (tRNA)	481
Número total de genes	20 694
Conteúdo GC em CDS (%)	42.67
BUSCO <sup>b</sup> (%)	
Completos	61
Completos e copia simples	55.50
Completos e duplicados	5.50
Fragmentados	10.80
Ausentes	28.20

\*CDS: Sequência de DNA codificadora.  
<sup>b</sup>Benchmarking Universal Single-Copy Orthologs (BUSCO) usando 1335 genes conservados da base dados Basidiomycota(basidiomycota\_odb9).

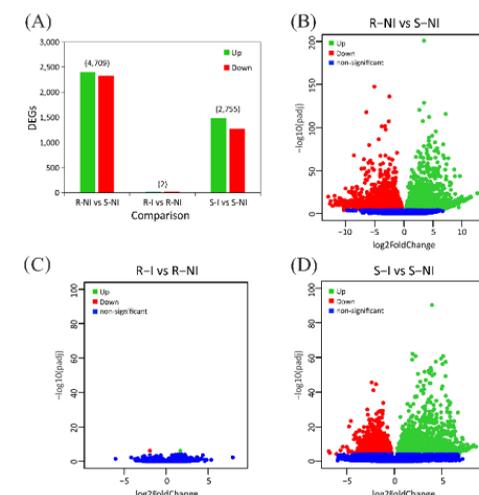


Figura 1 - Genes diferencialmente expressos (DEGs) de genótipos de *Eucalyptus grandis* resistente e suscetível à *Austropuccinia psidii*. (A) Número de DEGs significantes ( $p < 0.0001$ ) em cada comparação. (B-D) Volcano plots dos DEGs de R-NI vs S-NI, R-I vs R-NI, and S-I vs S-NI, respectivamente. Nota: R-NI = genótipo resistente não infectado; S-NI = genótipo suscetível não infectado; R-I = genótipo resistente infectado; S-I = genótipo suscetível infectado.

### Conclusões

Conclui-se que houve uma superexpressão constitutiva de vários genes relacionados à resistência no clone resistente em comparação com o suscetível. Nossos achados possuem potencial para serem usados como marcadores moleculares candidatos para resistência à ferrugem das *Myrtaceae*.

### Apoio Financeiro



### Agradecimentos

