

RESUMO - BIOTECNOLOGIA E GENÔMICA

ASSOCIAÇÃO DE ELEMENTOS CIS-REGULATÓRIOS E FATORES DE TRANSCRIÇÃO NA EXPRESSÃO GÊNICA DIFERENCIAL EM RESPOSTA AO OÍDIO DO PEPINO

Francisco Cleilson Lopes Costa (cleilson.costa@estudante.ufla.br)

Elenildo Dos Santos Oliveira (elenildo.oliveira@estudante.ufla.br)

Welison Pereira (welison.pereira@ufla.br)

O oídio do pepino é uma doença fúngica causada pelo patógeno *Podosphaera xanthii*. É uma das principais doenças que afetam as culturas de pepino e melão em várias regiões do mundo. O fungo se desenvolve majoritariamente na superfície das folhas, resultando em manchas brancas pulverulentas, reduzindo a produtividade da cultura. Por ser um patógeno biotrófico, a resistência é geralmente monogênica ou oligogênica. No entanto, a expressão diferencial de diversos outros genes pode ser observada. Assim, o entendimento do funcionamento da resistência envolve a compreensão dos mecanismos de ativação da defesa, que envolve o conhecimento dos elementos cis-regulatórios (CREs) e seus fatores de transcrição (TFs). Por meio da expressão gênica diferencial é possível evidenciar genes responsáveis pela resistência e com o auxílio de ferramentas de predição, identificar os CREs e os TFs. O objetivo deste estudo foi identificar associação entre CREs e TFs responsáveis para regulação dos mecanismos de resistência ao oídio em pepino, visando compreender a ativação da resposta de defesa. Para identificação de genes diferencialmente expressos de linhagem resistente ao oídio, foram recuperados os genes com expressão diferencial $-1 > \log_2fc > 1$ e

p-value < 0.05 (teste t) da linhagem resistente de pepino SSL508-28 às 48h após a inoculação, usando dados publicamente disponíveis (PRJNA321023) na base de dados Cucurbit Genomic Database v2. Desses DEGs, foram recuperados 1.5kb upstream do sítio de início de transcrição, compreendendo os CREs. Para identificação de CREs, foi realizada uma análise de enriquecimento usando o software PlantCARE, utilizando as sequências da região promotora de genes diferencialmente expressos (DEGs) em resposta à infecção de *P. xanthii* de linhagem resistente. E para análise de associação de elementos CREs a TFs, foi realizada uma análise para predição de TFs associados aos CREs identificados, utilizando o software TomTom acoplado ao banco de dados JASPAR utilizando como arquivo de referência “JASPAR2022_CORE_non-redundant_v2”. Os mecanismos subjacentes à resistência envolve o estudo dos CREs e TFs, pois são centrais na regulação da expressão gênica em resposta à infecção fúngica. Foram encontrados 1.665 DEGs na linhagem resistente SSL508-28 de pepino inoculados com *P. xanthii*. Da região promotora desses genes foi possível identificar 221.178 CREs no total, sendo 136 CREs únicos e 463 TFs associados. Estudos em andamento deverão trazer descobertas importantes sobre a regulação de genes relevantes para o patossistema.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de doutorado ao primeiro autor e à Universidade Federal de Lavras pela oportunidade de realização do doutorado.