

Fatores de transcrição (TFs) são proteínas que, ligando-se ou não ao DNA, modulam a atividade transcricional da RNA polimerase e a consequente síntese de RNA. Algumas classes de TFs possuem domínios de ligação ao DNA similares aos TFs animais, enquanto que outros parecem estar presentes somente em plantas. Uma forma de classificá-los em famílias específicas é agrupá-los de acordo com o seu domínio de ligação ao DNA. Proteínas Dof constituem uma família de TFs exclusivos de plantas que possuem de 200 a 400 aminoácidos e o domínio Dof (*DNA binding with one finger*). O domínio Dof possui de 50 a 52 aminoácidos e forma uma estrutura em um “dedo-de-zinco” Cys₂/Cys₂ que reconhece os elementos regulatórios *cis* na região promotora de genes. Em *Arabidopsis*, por exemplo, as proteínas Dof então envolvidas em diversas funções como controle do fotoperíodo de floração, germinação da semente, expressão específica no endosperma, sinalização de fitocromos e regulação do ciclo celular. A sequência de aminoácidos do domínio Dof é altamente conservada, o que não ocorre com o restante da proteína. Pelo presente estudo objetivamos realizar análises *in silico* das sequências de 27 proteínas Dof de *Eucalyptus grandis* e relacioná-las filogeneticamente às proteínas Dof de *Populus trichocarpa* (álamo) e *Arabidopsis thaliana*. Árvores filogenéticas foram montadas a partir das sequências das proteínas Dof disponíveis no banco de dados Phytozome pelo programa MEGA, a partir do qual o alinhamento dessas sequências com *bootstrap* de 1.000 vezes foi realizado. Além de entender a relação filogenética e evolutiva das proteínas Dof de *Eucalyptus* frente àquelas dos demais vegetais, pretende-se inferir potenciais funções dos TFs parálogos. Pelo presente trabalho pretende-se também inferir-se a função das proteínas Dof a partir da análise do nível de expressão dos genes codificadores em diferentes órgãos vegetais e em plântulas submetidas a diferentes tratamentos. Para tanto, plantas de *E. grandis* estão sendo cultivadas *in vitro* e em solo para serem submetidas a diferentes tratamentos como baixa disponibilidade de água ou tratamento com diferentes classes de reguladores de crescimento. Extrações de RNA serão realizadas, seguidas de RT-qPCR com *primers* específicos para cada um dos 27 genes *Dof* de *E. grandis* para indicar se houve alteração no nível de expressão dos genes em algum dos tratamentos impostos.