

Validação *in silico* de locos RGA (*Resistance Genes Analogs*) mapeados em duas populações de *Phaseolus vulgaris*

Santini, L¹; Hanai, LR¹; Melo, LC²; Santos, JB³; Camargo, LEA⁴; Vieira, MLC¹

¹ Departamento de Genética, ESALQ, Universidade de São Paulo

² Embrapa Arroz e Feijão

³ Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras

⁴ Departamento de Fitopatologia e Nematologia, ESALQ, Universidade de São Paulo
mlcvieir@esalq.usp.br

Palavras-chave: Genes de resistência, Marcadores moleculares, RGA, Análises de sequências, Feijoeiro-comum.

Introdução: Um dos principais fatores limitantes da qualidade e da produtividade do feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris*) é a incidência de doenças. Assim, estudos sobre genes de resistência a patógenos são imprescindíveis e norteiam os programas de melhoramento genético. Como as proteínas codificadas por genes de resistência apresentam domínios característicos e motivos conservados, foi possível o desenvolvimento de marcadores moleculares análogos a tais genes (RGA - *Resistance Gene Analogs*). Inicialmente, locos RGA foram mapeados em duas populações de *P. vulgaris*, sendo uma delas, a população núcleo de mapeamento "Bat93" x "Jalo EEP 558" (BJ) e a outra, a população brasileira "Carioca" x "Flor de Mayo" (CFM). **Objetivo:** Validar *in silico* os locos RGA mapeados nos grupos de ligação referentes às populações BJ e CFM. **Métodos:** Setenta e dois marcadores RGA foram previamente mapeados em *P. vulgaris*, sendo 32 na população BJ (Hanai et al., *Molecular Breeding*, 25:25-45, 2010) e 40 na população CFM (Santini, Teses USP, 2009). Para a sua validação, foram selecionados fragmentos com tamanhos estimados entre 200 e 700 pb, que foram reamplificados, clonados e sequenciados. O limiar adotado para a aceitação das sequências foi o valor de *Phred* igual a 20. As sequências obtidas foram analisadas por BLASTx e por BLAST especializado de domínios conservados (BLASTcd). As sequências similares a uma mesma proteína foram alinhadas pelo *software Clustal X* para Windows. **Resultados:** Foram obtidas 32 sequências com valor de *Phred* igual ou superior a 20. Onze delas apresentaram similaridade com proteínas conhecidas; sendo oito com proteínas relacionadas à resistência e identificadas em *P. vulgaris*, *Glycine max* e *Medicago truncatula*; duas similares a poliproteína gag-pol, característica de retrotransposons; e uma similar à polinucleotidil transferase de *M. truncatula*. Dentre os RGA similares às proteínas de resistência de soja, três mostraram-se altamente conservados. Além disso, dos oito RGA similares às proteínas de resistência, sete apresentaram domínios relacionados à resistência em plantas. **Conclusões:** foi possível a validação *in silico* de 25% dos RGA sequenciados e a conservação dessas sequências foi confirmada. As informações obtidas pelo sequenciamento aliadas aos dados de mapeamento sugerem a existência de duplicação e da possível transposição dessas regiões no genoma de *P. vulgaris*. **Apoio financeiro:** FAPESP e CAPES.