

## Caracterização molecular do gene *Co-4<sup>2</sup>* de resistência à antracnose em feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Jorge Freitas Cieslak<sup>1</sup>, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza<sup>2</sup>, Rosana Pereira Vianello<sup>3</sup>

A antracnose, causada pelo fungo (*Colletotrichum lindemuthianum*) é uma das principais doenças fúngicas do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Marcadores moleculares são uma alternativa para a seleção de genótipos que contém genes de resistência à antracnose. Este trabalho teve o objetivo de caracterizar, quanto a presença de SNPs e a diversidade nucleotídica, a região genômica na qual está contida o gene *Co-4<sup>2</sup>*, com ênfase na conversão em marcadores co-dominantes para a discriminação de genótipos tolerantes e suscetíveis. O estudo foi conduzido utilizando 15 cultivares, 12 resistentes e três suscetíveis à antracnose, a partir das quais foram avaliadas por sequenciamento genômico cinco regiões gênicas 50kb *upstream* e *downstream* do fragmento-alvo. A análise de sequenciamento dos cinco fragmentos genômicos próximos ao gene *Co-4<sup>2</sup>* resultou em 12 *amplicons* com amplificação robusta, totalizando 6.314 pares de base de seqüências. Ao todo foram identificados 141 SNPs, sendo 61 SNPs nos genótipos descritos como portadores do gene *Co-4<sup>2</sup>* e 80SNPs nos demais genótipos. A frequência de SNPs observada nessas regiões foi 2,2 SNPs/100kb, com maior taxa observada no *locus* P8285v2 (16 SNPs entre genótipos com o *Co-4<sup>2</sup>* e nove SNPs entre demais genótipos) e nenhum SNP no *locus* P8286v2. Além disso, foram identificadas duas regiões contendo indels, a primeira no *locus* P8286v4 com 5pb de comprimento nos genótipos Executivo e Realce, ambos ainda não caracterizados como portadores do gene de resistência e a segunda no *locus* P8286v6 com 15pb de comprimento nos genótipos PI207262, TO e SEL1308, todos contendo o gene *Co-4<sup>2</sup>*. A diversidade nucleotídica (θ) observada foi de 0.00686 entre todos os genótipos avaliados. Dentre os 12 *amplicons* desenvolvidos próximos aos *Co-4<sup>2</sup>*, apenas o *locus* P8284v3 revelou um padrão desejado de amplificação discriminando os genótipos suscetíveis e tolerantes. A identificação de marcadores SNPs em regiões de amplificação de marcadores SCAR possibilitará o desenvolvimento de marcadores moleculares mais acessíveis, e com maior potencial discriminatório entre genótipos tolerante e suscetível para uso na seleção assistida por marcadores.

<sup>1</sup> Estudante de pós-graduação em Genética e Biologia Molecular na Universidade Federal de Goiás, GO, jorge\_cieslak@hotmail.com

<sup>2</sup> Engenheiro agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, thiago.souza@embrapa.br

<sup>3</sup> Bióloga, Ph. D. em Genética Molecular, pesquisadora na Embrapa Arroz e Feijão Santo Antônio de Goiás, GO, rosanavb@cnpaf.embrapa.br