

**Título:** Nº 688 - Identificação e análise da expressão de parálogos do gene SH3 de resistência à ferrugem.

**Responsável:** Paula Cristina da Silva Angelo.

**Período:** 01/05/2019 a 31/05/2023.

**Resumo:** Em trabalho anterior de autores brasileiros e franceses, o locus SH3 de resistência duradoura ao fungo *Hemileia vastatrix* foi sequenciado em IAPAR 59. Artigo científico, publicado em 2011, informou que, no IAPAR59, o locus tem 250 kb é complexo e contém oito genes (cada um com cerca de 3.2 kb, dois exons e um intron) que variam quanto à sequência e codificam proteínas do tipo CC-NBS-LRR. As proteínas codificadas pelos oito genes, muito provavelmente, variam quanto à especificidade na interação com diferentes raças fisiológicas do fungo. No presente projeto no. 688, para a execução da Atividade 1, os parálogos do locus SH3 foram identificados *in silico* via *screening* dos genomas de *Coffea* disponíveis para consulta online, sendo *C. arabica* cv. Caturra e Bourbon e um genótipo de planta silvestre oriunda da Etiópia e mantida ex-situ no IDR-Paraná Unidade Londrina, de *C. eugenoides* e de *C. canephora*. Ao fim das análises descritas na Atividade 1, foram desenvolvidos primers para amplificar parte (região carboxi-terminal) do exon que codifica o domínio LRR, que é aquele envolvido diretamente na interação entre os cafeeiros e os fungos fitopatogênicos. Esses primers foram utilizados para gerar amplicons de DNA de folhas das variedades diferenciadoras que têm alelos SH1, SH2, SH3, SH4 e etc; de *C. liberica*, do Híbrido do Timor, IAPAR 59 e outras variedades para as quais os alelos SH foram identificados. Os amplicons gerados para algumas variedades foram clonados e sequenciados e utilizados para correlacionar, especificamente, diferenças na sequência das regiões altamente variáveis (domínio LRR) com diferentes alelos SH3 das diferentes cultivares/espécies, como parte da Atividade 2. Outras variedades serão sequenciadas em breve. Para as Atividades 3 e 4, serão gerados amplicons de DNA (Atividade 3) e cDNA (Atividade 4) informativos quanto à presença/ausência dos diferentes alelos/variantes do locus SH3 e dos transcritos correspondentes, possibilitando a análise do padrão de transcrição e a avaliação da importância de cada alelo/variante durante a interação (compatível/resistência ou incompatível/suscetibilidade) das variedades de cafeeiro com diferentes raças fisiológicas de *H. vastatrix*, causador da ferrugem em cafeeiros recém-desenvolvidos por programas de melhoramento e contribuir para a seleção de plantas melhoradas. Projeto Concafé 2018, Embrapa Café, Solução de Inovação no. 10.18.20.028.00.005, sob responsabilidade de Paula C. S. Angelo, Pesquisadora A Embrapa Café, exercendo atividades no IDR-Paraná, Unidade Londrina. Líder de Projeto Eveline Caixeta - Universidade Federal de Viçosa.

**Ações:** 1) isolar e identificar variantes/alelos do locus SH3 em variedades de cafeeiro de interesse agrônomo e diferenciadoras de raças fisiológicas de *H. vastatrix*. 2) desenvolver um sistema de primers para determinar o genótipo SH3 de cafeeiros Arabica e correlacionar a presença/ausência e a expressão ou não de determinados alelos/variantes com fenótipos de resistência/suscetibilidade às raças fisiológicas de *H. vastatrix*.

**Metas:** As metas serão atingidas até o final deste projeto, em maio de 2023. As metas deste projeto são: 1) identificar pelo menos quatro alelos SH identificados por reações de PCR; 2) quantificar a expressão de pelo menos quatro alelos SH em variedades diferenciadoras e cultivares de cafeeiros Arabica desafiados por fungo utilizando primers específicos e comparando a expressão com aquela de plantas não desafiadas; 3) publicar três resumos em Anais de Eventos Científicos; 4) publicar 2 documentos técnicos de Séries Embrapa com descrição da metodologia empregada em cada fase; 5) publicar 1 artigo técnico-científico para divulgar os resultados.