

## Mapeamento do Gene *LRR-RLK* em *Coffea arabica* e interação com proteínas efetoras de *Hemileia vastatrix*

BARBOSA, T. A.<sup>1</sup>; ALMEIDA, D. P.<sup>2</sup>; MARÇAL, R. N. F.<sup>1</sup>; ALMEIDA, D. P.<sup>1</sup>; CARNEIRO, D. G.<sup>1</sup>; CAIXETA, E. T.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup> Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa-Café, Brasília, Distrito Federal, Brasil.

### Introdução

O Híbrido de Timor (HdT), provavelmente originado de um cruzamento natural entre *Coffea arabica* e *Coffea canephora*, é amplamente utilizado em programas de melhoramento do café devido à sua significativa resistência a várias raças de *Hemileia vastatrix*. Esse fungo atinge principalmente a espécie *C. arabica*, causando enormes prejuízos econômicos ao setor cafeeiro mundial. O HdT CIFC 832/2 destaca-se por apresentar resistência mais duradoura do que outros acessos, além de respostas rápidas ao patógeno. Esse acesso também possui resistência a outras doenças e é compatível em cruzamentos com cultivares de *C. arabica*, facilitando a transferência de seus alelos de resistência.

### Objetivo

O objetivo deste estudo foi mapear o gene pertencente a família gênica *LRR-RLK* - *Leucine-rich repeat receptor like kinase* do HdT CIFC 832/2 em mapa genético e realizar a interação com proteínas efetoras de *H. vastatrix*.

### Material e Métodos

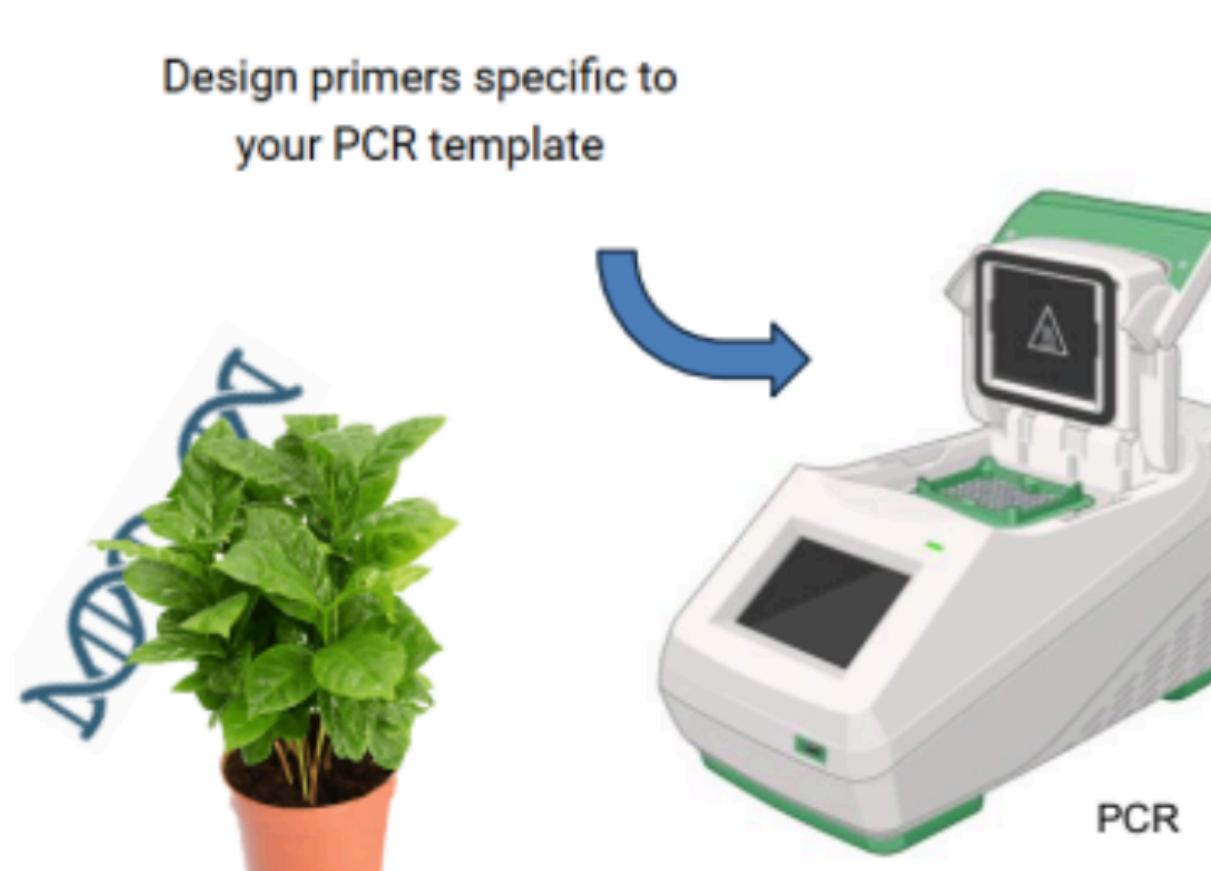
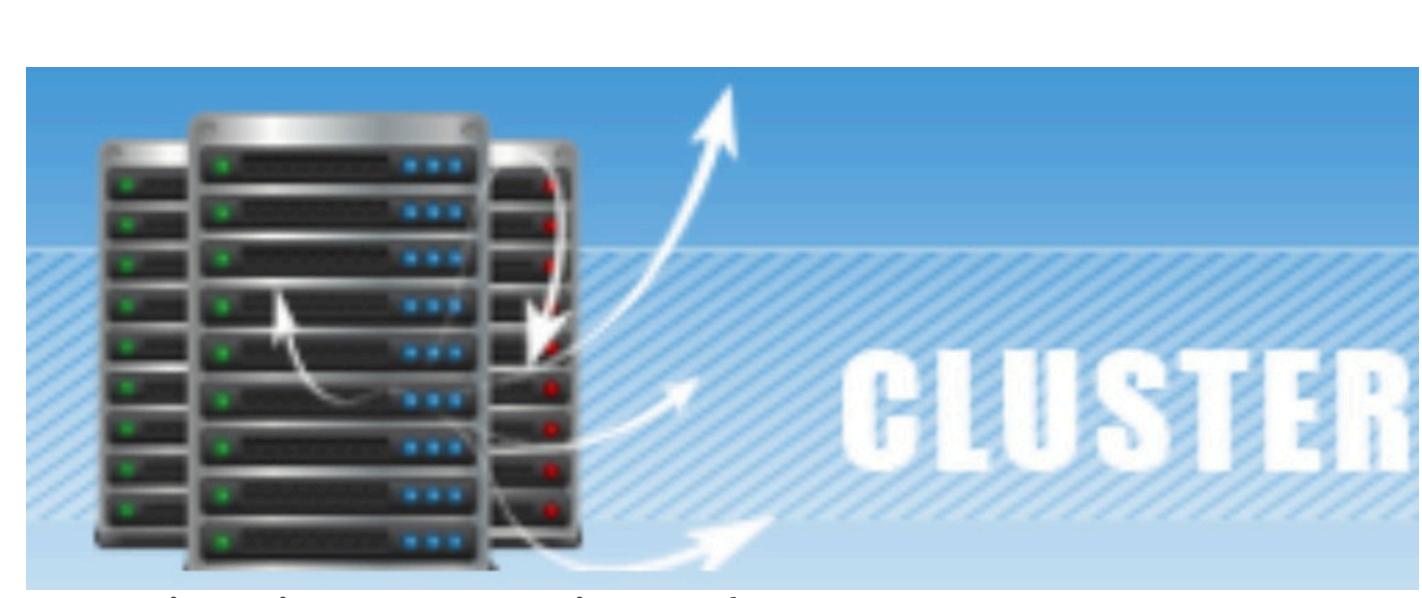


Figure 2. Os dados do marcador foram codificados e então analisados usando o software GENES.

Figure 1. Para o mapeamento, foi amplificado um marcador molecular correspondente ao gene RLK em 247 genótipos de uma população de mapeamento F2, oriundos do cruzamento de HdT UFV 443-03 com IAC 64 (UFV 2148-57)



Figure 3. Para a identificação das interações proteína-proteína foram integrados três métodos de predição distintos, PEIMAP, PSIMAP e iPfam. As sequências de aminoácidos dos genes LRR-RLK, e o conjunto total de proteínas de genoma de *H. vastatrix* foram alinhadas com as sequências presentes em cada um dos bancos de dados.



### Apoio Financeiro



### Resultados

O gene *LRR-RLK* ficou mapeado no Grupo de Ligação 5 do mapa genético. Na rede de interação proteína-proteína foram identificadas 158 proteínas de *H. vastatrix* interagindo com as proteínas codificadas pelos genes RLK. Uma vez realizada a filtragem por meio das proteínas secretadas e/ou de superfície de *H. vastatrix*, restaram 50 proteínas na rede de interação com as proteínas de cafeeiro.

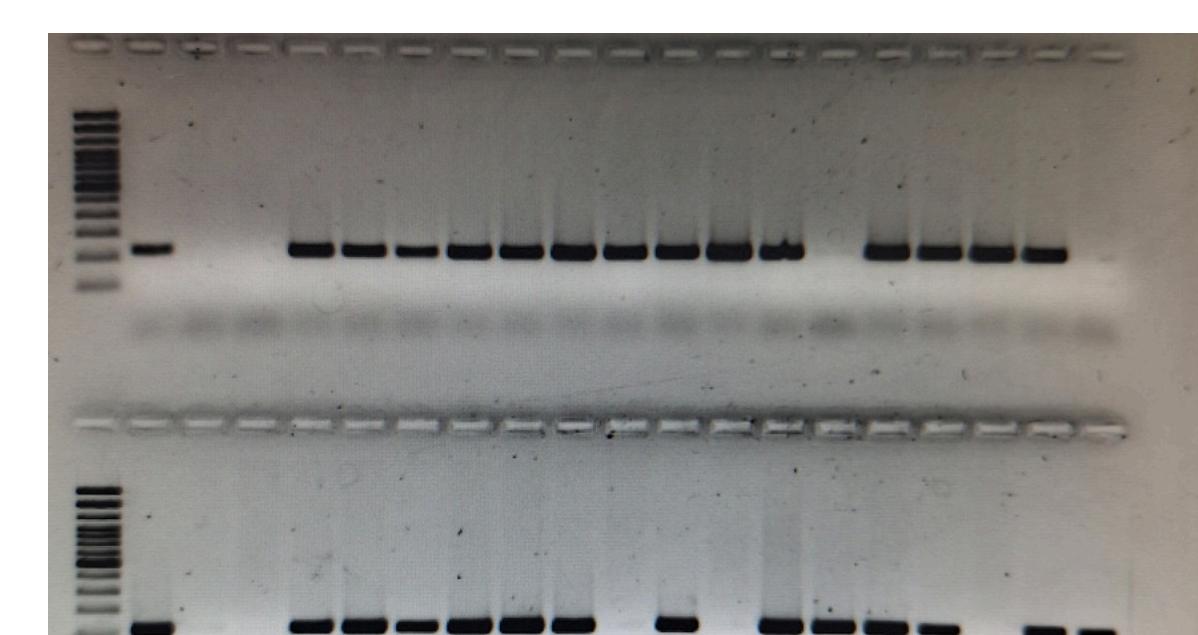
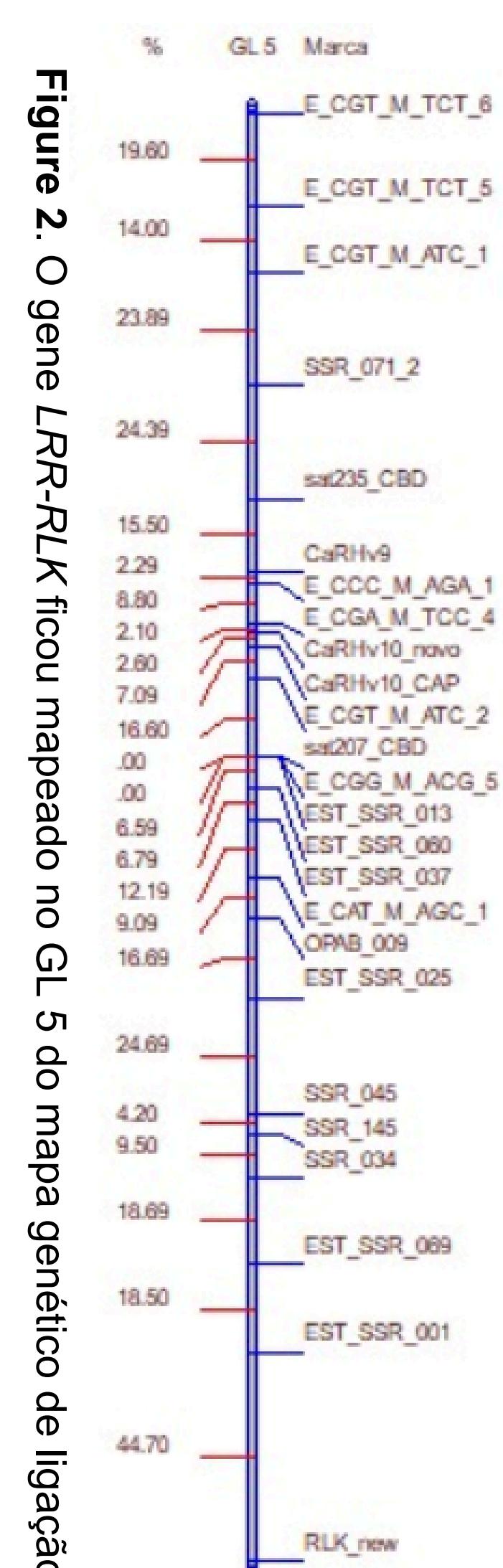


Figure 1. Triagem do marcador molecular correspondente ao gene pertencente a família gênica LRR-RLK nos genótipos da população F2.

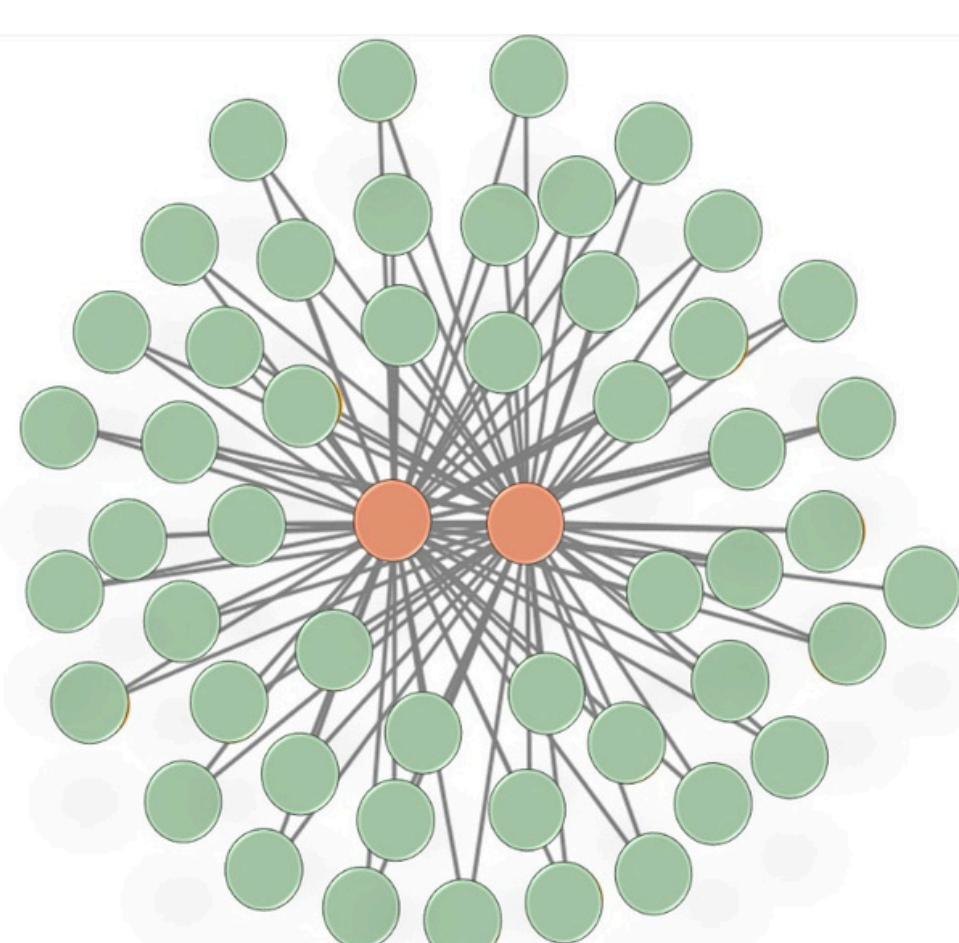


Figure 3. Rede de interação entre proteínas dos genes *LRR-RLK* com 50 proteínas de genes efetores de *H. vastatrix*.

### Conclusões

Essas informações são de grande importância para o programa de melhoramento do cafeeiro, pois permitem a identificação de genes candidatos a resistência e a compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos na defesa contra a ferrugem.

### Bibliografia

Almeida, D. P. D., Castro, I. S. L., Mendes, T. A. D. O., Alves, D. R., Barka, G. D., Barreiros, P. R. R. M., ... & Caixeta, E. T. (2020). Receptor-Like Kinase (RLK) as a candidate gene conferring resistance to *Hemileia vastatrix* in coffee. *Scientia Agricola*, 78(6), e20200023.

Castro, I. L., Barreiros, P. R. M., MENDES, T. D. O., Florez, J. C., SILVA, E. D. A., Porto, B. N., ... & Caixeta, E. T. (2022). Gene expression and interactome analysis of candidate effectors associated with pre-and post-haustorial *Hemileia vastatrix*-coffee interaction.