

Mapeamento da Resistência à Antracnose na Cultivar de Feijão Carioca BRS Cometa⁽¹⁾

Samara Rayane Pereira de Moraes², Ariadna Faria Vieira³, Luana Alves Rodrigues⁴, Rosana Pereira Vianello⁵, Helton Santos Pereira⁶, Leonardo Cunha Melo⁶ e Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁶

¹ Extraído de trabalho de dissertação. Pesquisa financiada pelo CNPq.

² Engenheira-agrônoma, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas

³ Engenheira-agrônoma, doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Bióloga, doutora em Agronomia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁵ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - A antracnose do feijão-comum, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, é considerada uma das principais doenças que impactam negativamente a produtividade da cultura no Brasil, nas Américas e na África. Para o manejo dessa doença, a utilização de cultivares resistentes é uma ferramenta eficiente. No entanto, a ampla variabilidade de *C. lindemuthianum* representa um desafio para os programas de melhoramento genético. Deste modo, a piramidação de distintos alelos de resistência é uma estratégia recomendada. Atualmente, 14 locos de resistência à antracnose já foram caracterizados e descritos na literatura: *Co-1*, *Co-2*, *Co-3*, *Co-4*, *Co-5*, *Co-6*, *Co-8*, *Co-11*, *Co-12*, *Co-13*, *Co-14*, *Co-15*, *Co-16* e *Co-17*. Diante disso, este trabalho teve como objetivo estudar a herança e mapear a resistência à antracnose na cultivar de feijão carioca BRS Cometa. Inicialmente, foi realizado um estudo de herança com as populações F_2 e $F_{2:3}$ do cruzamento Rosinha G2 × BRS Cometa, utilizando o patótipo CI 1247 (raça 91) nas inoculações. A avaliação da reação à doença foi realizada utilizando uma escala de notas contendo nove graus de reação, onde 1 = plantas sem sintomas visíveis e 9 = plantas mortas ou com lesões generalizadas. Foi realizada a genotipagem de 104 progênies $F_{2:3}$ (Rosinha G2 × BRS Cometa) com marcadores SNP, utilizando o BARBean6K_3 Illumina Bead Chip na plataforma de genotipagem Illumina Infinium HD Assay Ultra®. Foi construído o mapa genético com os marcadores SNP que apresentaram segregação 1:2:1, aferida pelo teste de χ^2 , sendo adotado um valor mínimo de LOD = 3,0 e $r = 0,30$. O mapa físico foi construído com o alinhamento dos marcadores contra os genomas de referência de *Phaseolus vulgaris*, variedades Andina (G19833) e Mesoamericana (BAT 93), usando a ferramenta BLASTN. Os resultados da fenotipagem das populações F_2 e $F_{2:3}$ Rosinha G2 × BRS Cometa demonstraram que a frequência de genótipos resistentes e suscetíveis se ajustou à proporção esperada de 3R_:1rr ($\chi^2 = 0,4$ e $P = 50,50\%$) e de 1RR:2Rr:1rr ($\chi^2 = 0,0$ e $P = 100\%$), respectivamente. Assim, é possível afirmar que a resistência na cultivar BRS Cometa é monogênica dominante. Dos 5.398 SNPs testados, 880 foram polimórficos e com segregação de 1:2:1, sendo assim utilizados para o mapeamento de ligação. A análise de mapeamento agrupou o loco de resistência à antracnose presente em BRS Cometa (*Co-Cometa*) com outros 46 marcadores SNPs no cromossomo Pv04. A genotipagem realizada, embora satisfatória para mapear o loco *Co-Cometa* em Pv04, não possibilitou o mapeamento fino do loco alvo, pois não houve saturação adequada, sendo que o marcador mais próximo ao loco de resistência foi posicionado a 11,4 cM (BARCPV_1.0_Chr04_354682_G_A). Por conseguinte, esforços adicionais estão em curso para o mapeamento fino da região em que se encontra o loco *Co-Cometa*. Uma genotipagem adicional dessa população está sendo realizada utilizando um conjunto de SNPs desenvolvidos pela equipe de pesquisa especificamente para o pool gênico Mesoamericano (~400 SNPs). O mapa genético obtido apresentou um ordenamento de marcadores mais coerente com o genoma físico Andino do que com o genoma Mesoamericano, embora a população utilizada tenha sido formada por genitores mesoamericanos. Diante destes resultados, nota-se que o ordenamento físico apresenta vieses e, com isso, que há oportunidade de melhorar a montagem do genoma consenso do feijão. Com base nas distâncias genéticas e físicas observadas entre *Co-Cometa* e outros locos de resistência já descritos em Pv04 (*Co-3*, *Co-15* e *Co-16*), as evidências são de que *Co-Cometa* trata-se de um loco distinto.