

Análise de Associação Genômica Ampla (GWAS) do Hábito de Crescimento em Feijoeiro-Comum⁽¹⁾

Érica Munique da Silva², Lucas Matias Gomes², Paula Pereira Torga³, Rosana Pereira Vianello⁴, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza³ e Marcela Pedrosa Mendes Resende⁵

¹ Pesquisa financiada pela Embrapa e pelo CNPq.

² Engenheiro-agrônomo, doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, professora da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO

Resumo - O hábito de crescimento está entre as principais características avaliadas no processo de desenvolvimento de cultivares de feijão, especialmente quando o objetivo é selecionar genótipos com aptidão para colheita mecânica direta. A análise GWAS possibilita identificar regiões genômicas associadas a caracteres de interesse e estimar seus efeitos, podendo acelerar o processo de desenvolvimento de novas cultivares. Este trabalho objetivou identificar regiões genômicas relacionadas ao hábito de crescimento no feijoeiro. Um conjunto de 316 acessos de feijão-comum de origem mesoamericana pertencentes à coleção nuclear de feijão da Embrapa Arroz e Feijão foram genotipados com 11.870 SNPs derivados das tecnologias *DARTseq* e *Capture-Seq*. A avaliação fenotípica desses genótipos ocorreu em ensaio realizado em casa de vegetação, quando o hábito de crescimento (determinado ou indeterminado) foi avaliado após o início do florescimento. A análise de associação foi realizada utilizando o Software Estatístico R, por meio do algoritmo Modelo Linear Misto Comprimido (CMLM), implementado no pacote Genomic Association and Prediction Integrated Tool (GAPIT). Foram identificados 23 SNPs significativamente associados ao hábito de crescimento no cromossomo Pv01. Usando a ferramenta BLASTN, as regiões flanqueadoras dos SNPs significativos foram alinhadas no genoma do feijão (*Phytozome*), revelando 11 genes. Os genes identificados codificam proteínas que estão relacionadas a processos metabólicos de crescimento e de morfogênese que influenciam no hábito de crescimento.