

Análise de associação genômica ampla (GWAS) dos grupos comerciais do feijão-comum

Érica Munique da Silva¹, Lucas Matias Gomes, Paula Pereira Torga, Rosana Pereira Vianello, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza e Marcela Pedroso Mendes Resende

¹ Engenheiro-agrônomo, doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo – O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) apresenta grande diversidade de cores, e pode ser classificado de acordo com estas em grupos comerciais (GC). Para sua comercialização é necessária sua classificação. A preferência do consumidor brasileiro por esta leguminosa é muito diversificada e dependente da tradição local. Entre os tipos de feijão comercializados no Brasil (carioca, preto, vermelho, mulatinho e manteigão), o tipo carioca é o mais cultivado e consumido. A análise GWAS possibilita identificar regiões genômicas (*Quantitative Trait Loci* – QTLs) associadas ao caráter de interesse e estimar seus efeitos. A identificação de SNPs em desequilíbrio de ligação com genes que controlam características de interesse podem acelerar o processo de desenvolvimento de novas cultivares. Esse trabalho objetivou identificar regiões genômicas do feijão relacionadas ao GC a partir da metodologia GWAS. Para isso, um conjunto de 312 acessos de feijão-comum de origem Mesoamericana, pertencentes a coleção nuclear de feijão da Embrapa Arroz e Feijão, foram genotipados com 11870 SNPs derivados das tecnologias *DARTseq* e *Capture-Seq* e fenotipados em ensaio realizado em casa de vegetação. O GC foi avaliado com notas de 1 a 18. A análise de associação foi realizada utilizando o programa R, por meio do algoritmo de Modelo Linear Misto Comprimido (CMLM), implementado no pacote GAPIT (*Genomic Association and Prediction Integrated Tool*). Foram identificados 2 SNPs significativamente associados ao GC no cromossomo Pv02 e Pv09. Usando a ferramenta BLASTN, as regiões flangeadoras dos SNPs significativos foram alinhadas no genoma do feijão (*Phytozome*), revelando 2 genes. Os genes identificados codificam as proteínas S-Aciltransferase 21 e NLP1. Estes resultados demonstram que o mapeamento associativo pode ser aplicado com sucesso na identificação de genes associados a características de interesse em feijão-comum.

Termos para indexação: *Phaseolus vulgaris* L, mapeamento associativo, genotipagem, coleção nuclear.