

Haplótipos associados a genes de resistência a antracnose e a mancha angular no feijão-comum

Isabela Pavanelli de Souza¹, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser, Alexandre Siqueira Guedes Coelho, Claudio Brondani, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza e Rosana Pereira Vianello

¹ Pós-doutoranda em Biologia, Embrapa arroz e feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. E-mail: isabela.pavanelli@gmail.com

Resumo - A influência de fatores bióticos acarreta severas perdas na produtividade e na qualidade do grão de feijão. Dentre as doenças que ocorrem, a antracnose e a mancha angular destacam-se como as principais, resultantes do ataque de fungos nas partes aéreas da planta. O objetivo desse estudo foi identificar, no germoplasma brasileiro, haplótipos associados a doenças em feijão, com ênfase na antracnose e mancha angular, e desenvolver um painel de SNPs para uso direto nas rotinas de seleção assistida por marcadores moleculares (SAM). Ao todo, 15 regiões presentes nos cromossomos 1, 4, 8, 10 e 11 contendo importantes locos de resistência à antracnose e mancha angular (*Phg 1, Phg 2, Phg 3, Phg 4, Phg 5, Co-4, Co-4², Co-3⁴, Co-5, Co-10*) foram indicadas pelo programa de melhoramento genético do feijão-comum (PMGFC). A partir de uma análise detalhada do posicionamento dessas regiões no genoma de referência foram desenhadas 1816 sondas para a captura dos fragmentos-alvo. Os fragmentos capturados foram sequenciados utilizando a estratégia RenSeq/PacBio (RAPiD Genomics, EUA) em 30 genótipos diferenciadores para essas doenças, indicadas pelo PMGFC. A detecção de variantes foi realizada pelo FreeBayes, o VCFtools e o pacote do vcfR foram utilizados para os filtros de qualidade dos SNPs. Para a determinação dos blocos haplotípicos e identificação dos SNPs-tags foi utilizado o Haploview. Foram identificados 1886 SNPs nas regiões associadas aos locos de resistência. Um total de 33 blocos de haplótipos foram reportados, com uma média de 11,3 SNPs por blocos. O número máximo e mínimo de haplótipos foi de 25 e 2, respectivamente, com o maior número presente na porção final do cromossomo 4. Foram identificados 106 SNP-tags compreendendo 100% da variação existente nos haplótipos. Esses SNPs foram indicados para o desenvolvimento de um *SNPassay/DArTag* que será utilizado para haplotipagem da cultura, reunidos em um único ensaio e representativos de importantes haplótipos de resistência em feijão.

Termos para indexação: antracnose, mancha angular, haplotipagem, *Phaseolus vulgaris*.