

ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS) PARA TOLERÂNCIA À SECA EM FEIJOEIRO COMUM

Paula A. M. R. Valdisser^{1*}; Wendell J. Pereira²; Odilon P. de Moraes Junior³; João A. Mendonça¹; Douglas E. L. Sartori⁴; Luann V. V. O. Lima⁵; Tereza C. O. Borba¹; Claudio Brondani¹; Maria I. Zucchi⁶; Rosana P. Vianello¹

¹Embrapa Arroz e Feijão; ²UnB; ³EMATER/GO; ⁴PUC/GO; ⁵Uni-Anhanguera/GO; ⁶Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios. *paula.valdisser@embrapa.br

Dentre as leguminosas, o feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) destaca-se como um alimento de alto valor nutritivo e de grande importância econômica e social. O estresse hídrico é o segundo maior causador da queda de produtividade em feijoeiro comum, afetando cerca de 60% das áreas de produção. Portanto, a identificação dos componentes genéticos subjacentes à tolerância à seca no feijoeiro comum é de grande importância. O objetivo deste estudo foi identificar locos genéticos associados à tolerância à seca através da análise de associação genômica ampla (GWAS). Foi utilizado um conjunto de 343 acessos de feijoeiro comum, pertencentes à Coleção Nuclear de Feijão (CONFE) da Embrapa, todos de origem Mesoamericana. Estes acessos foram genotipados através das tecnologias DArTseq e Capture-Seq e foram fenotipados em campo, em ambientes com e sem deficiência hídrica, por três anos consecutivos, para os caracteres massa de 100 grãos e produtividade. As análises de associação foram realizadas usando o modelo linear misto implementado no software Tassel. A anotação funcional dos SNPs significativamente associados à tolerância à seca foi realizada através da ferramenta Blast2GO. Um total de 8789 SNPs, distribuídos ao longo dos 11 cromossomos de feijoeiro comum, foram utilizados na análise de associação, resultando na identificação de 93 e 139 SNPs associados com os caracteres avaliados, nas análises individuais e conjuntas, respectivamente. Para massa de 100 grãos foram identificados 213 SNPs associados, enquanto para produtividade foram 19 SNPs. A anotação gênica permitiu a identificação de marcadores SNPs dentro (85%) ou próximos (15%) de importantes genes com efeitos putativos em resposta à deficiência hídrica, tais como proteínas associadas ao metabolismo e transportador de membrana de ácido abscísico (ABA), fatores de transcrição MYB e bZIP. Esse estudo permitiu a identificação de marcadores SNPs presentes em regiões genômicas associadas com a tolerância à seca, com grande potencial de serem incorporados à rotina de seleção assistida por marcadores, após etapas de validação da eficiência dos mesmos. Adicionalmente, esse estudo disponibiliza um painel de associação que poderá ser utilizado para análise de mapeamento associativo para diferentes caracteres de interesse dos programas de melhoramento genético de feijoeiro comum.

Palavras-chave: feijoeiro comum; deficiência hídrica; GWAS.

Agradecimentos: EMBRAPA, UNICAMP, CNPq.