

Mapeamento de QTLs para reação à murcha de fusário na cultivar de feijão carioca BRS Notável

Sâmela Beutinger Cavalheiro¹, Pedro Henrique de Souza, Rosana Pereira Vianello, Leonardo Cunha Melo, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza e Helton Santos Pereira

¹ Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, UFG, Goiânia, GO. E-mail: samela_cavalheiro@hotmail.com

Resumo - A maioria das cultivares de feijão do tipo carioca apresenta suscetibilidade à murcha de fusário (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*), que é uma doença de solo que causa grandes perdas. Isso indica que há necessidade de obtenção de cultivares resistentes. Entretanto, há pouca informação genética disponível para esse patossistema, incluindo a disponibilidade de ferramentas moleculares para utilização em seleção assistida. O objetivo deste trabalho foi estudar o controle genético e identificar regiões genômicas associadas à reação à murcha de fusário em feijão. Foram avaliadas 73 progênies obtidas a partir do cruzamento entre as cultivares BRS Notável (resistente) e BRS Supremo (suscetível), por meio de escala de notas. As avaliações foram realizadas em campo, sob pivô central, em área experimental com alta infestação do patógeno, na safra de inverno, nos anos/gerações 2018/F_{2:4} e 2019/F_{2:5}, em Santo Antônio de Goiás – GO. A genotipagem foi realizada pela tecnologia DArTseq, na geração F₂. O mapa de ligação foi construído com 493 marcadores (297 SNPs e 175 SilicoDArTs), apresentando comprimento total de 1599 cM e saturação de 78% (distância ≤ 5cM entre marcadores). As análises fenotípicas indicaram a presença de variabilidade entre as progênies, com altas estimativas de herdabilidade (90,6%) e ganho esperado (28,5%) com a seleção. Considerando os dois anos/gerações e a análise conjunta, foram identificados três QTLs associados a reação à murcha de fusário, posicionados no cromossomo 7, explicando entre 25,1 e 50,4% da variação fenotípica. Os três QTLs apresentaram intersecção entre seus intervalos, indicando a mesma região genômica e, portanto, representam um único QTL, com alta estabilidade nos diferentes anos/gerações. O marcador (SNP_Chr07_28294499) identificado no QTL FOP7.1^{NS} explicou 44,8% da variação fenotípica, com base na análise conjunta. As progênies que apresentam o alelo de resistência apresentam maior resistência (4,6).

Termos para indexação: *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, *Phaseolus vulgaris*, seleção assistida por marcadores moleculares.