

## ESTUDO DO MAPEAMENTO ASSOCIATIVO DA RESISTÊNCIA FISIOLÓGICA AO MOFO BRANCO NO FEIJÃO COMUM

Marcelo Henrique dos Santos<sup>1</sup>; Kelly Lana Araújo<sup>2</sup>; Thiago Alexandre Santana Gilio<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade do Estado de Mato Grosso. <sup>2</sup>Universidade do Estado de Mato Grosso.

<sup>3</sup>Universidade Federal de Mato Grosso. \*E-mail do autor apresentador: thiago.gilio@ufmt.br (Utilizar fonte Arial 11).

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos principais alimentos na dieta da população mundial, amplamente cultivado por sua grande importância econômica e social, além do alto valor nutricional que apresenta. Porém, alguns fatores limitantes, como a suscetibilidade à incidência de doenças como o mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, podem acarretar perdas significativas na qualidade e produção. Desse modo a obtenção de plantas menos suscetíveis a esse patógeno pode tornar-se uma viável e econômica alternativa aos produtores. O objetivo deste trabalho foi selecionar genitores para resistência fisiológica a *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary e através de modelos GWAS (Genome-wide Association Studies) multi-locus (ML-GWAS) realizar o mapeamento associativo de regiões do genoma do feijão comum associadas à essa característica. A reação de resistência fisiológica foi avaliada em painel composto por 112 acessos (BGF) a partir do método *seedling straw test* aos isolados de *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary UFV-S.s463 UFV-S.s486 e UFV-S.s597 sob o delineamento de blocos ao acaso com seis repetições. Posteriormente os acessos foram genotipados via Illumina BeadChip BARCBean6k\_3 com 4632 SNPs. A realização do mapeamento associativo para resistência fisiológica baseou-se em dois modelos ML-GWAS = FarmCPU e BLINK, adotando-se para os modelos o limiar de significância de Bonferroni a 0,05. O genoma de *P. vulgaris* G19833 v. 1.0 foi utilizada como genoma de referência para as análises GWAS e anotação de modelo gênico. Baseado nas médias genotípicas obtidas via BLUP, selecionou-se os genótipos BGF 15 e BGF 74 para resistência fisiológica ao isolado UFV-S.s463 de *S. sclerotiorum*, BGF26 para o isolado UFV-S.s486, além do BGF47 resistente ao isolado UFV-S.s597, permitindo desse modo, utiliza-los como fontes de recursos genéticos para tolerância a estresse biótico. Os modelos ML-GWAS utilizados permitiram a identificação de 22 SNPs significativos para resistência fisiológica distribuídos nos cromossomos Pv2, Pv4, Pv6 e Pv11. Seis genes relacionados a estresses bióticos foram anotados, com destaque para regiões não reportadas no Pv02 e Pv11.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L; ML-GWAS; *Sclerotinia sclerotiorum*.

**Agradecimentos:** Agradecemos ao Conselho Nacional de Desenvolvimento e Tecnologia (CNPq) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).