



AVALIAÇÃO DE SEVERIDADE QUANTO À RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM PAINEL DE FEIJÕES CARIOCAS

Caio Cesar Ferrari Barbosa¹; Jean Fausto de Carvalho Paulino²; Caléo Panhoca de Almeida³;
Sérgio Augusto Morais Carbonell⁴; Luciana Lasry Benchimol-Reis⁵

Nº 21104

RESUMO – A incidência de doenças no feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) afeta severamente a produtividade dessa cultura. O crestamento bacteriano comum (CBC) é causado pela bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (XAP), apresentando grande incidência na cultura. Os sintomas do CBC acometem toda a parte aérea, afetando das sementes até as folhas. A infecção ocorre por aberturas naturais e ferimentos no tecido. Neste estudo, um painel de diversidade de feijão carioca (PDC) com 149 cultivares foram genotipadas por 1.616 SNPs obtidos do BeadChip foram avaliadas quanto a resistência a CBC, visando identificar QTLs associados a resistência genética por estudo de associação ampla do genoma (GWAS). A avaliação fenotípica do PDC foi realizada em estufa com delineamento de blocos casualizados, contendo 3 repetições. A parcela experimental continha um vaso de 0,8L e duas plantas. A inoculação foi realizada 10 dias após o plantio, nas duas folhas primárias, através de incisão foliar com auxílio de tesoura esterilizada. Para inoculação, a tesoura foi mergulhada em solução contendo suspensão de XAP19 na concentração de 10^7 ufc/mL. A avaliação foi realizada 10 dias após a inoculação utilizando uma escala diagramática de notas (1-6). Através do modelo de associação BLINK, um SNP (ss715650404) no cromossomo Pv07 (posição 46,7 Mb) apresentou alta significância ($>1\%$), segundo o teste Bonferroni. Considerando um intervalo de confiança de 300 Kb, 25 genes candidatos com diferentes anotações genicas foram identificados. Estudos futuros visando caracterizar os genes putativos deverão ser conduzidos, além da validação do marcador ss715650404 visando o emprego em programas de seleção assistida.

Palavras-chaves: *Phaseolus vulgaris* L, *Xanthomonas Axonopodis* pv. *phaseoli*, GWAS.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Engenharia Agrônoma, UFSCar, Araras-SP; caio.panfs@gmail.com

2 Colaborador: Doutorando em Agricultura Tropical, Instituto Agrônomo (IAC), Campinas-SP.

3 Colaborador: Doutorando em Agricultura Tropical, Instituto Agrônomo (IAC), Campinas-SP.

4 Colaborador: Pesquisador do Instituto Agrônomo (IAC), Campinas-SP.

5 Orientador: Pesquisadora do Instituto Agrônomo (IAC), Campinas-SP; luciana.reis@sp.gov.br



15º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2021

01 a 02 de setembro de 2021

ISBN 978-65-994972-0-9

ABSTRACT - Diseases in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) severely affects the productivity of this crop. Common bacterial blight (CBB) is caused by the bacteria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (XAP), having large number system in culture. CBB symptoms affect the entire aerial part, affecting to the seeds until leaves. Infection occurs through natural openings and tissue injuries. In this study, a panel of carioca bean diversity (PCD) with 149 cultivars were genotyped by 1,616 SNPs obtained from the BeadChip and evaluated for resistance to CBB, aiming to identify QTLs associated with genetic resistance by genome wide association study (GWAS). The phenotypic evaluation of the PDC was carried out in a greenhouse with a randomized block design, containing 3 replications. The experimental plot contained a 0.8L pot and two plants. Inoculation was carried out 10 days after planting, in the two primary leaves, through a leaf incision with the aid of sterilized scissors. For inoculation, the scissors were dipped in a solution containing XAP19 suspension at a concentration of 107 cfu/mL. The evaluation was carried out 10 days after inoculation using a diagrammatic grading scale (1-6). Through the BLINK association model, a SNP (ss715650404) on chromosome Pv07 (position 46.7 Mb) showed high significance (>1%), according to the Bonferroni test. Considering a confidence interval of 300 Kb, 25 candidate genes with different genetic annotations were identified. Future studies aiming to characterize the putative genes should be conducted, in addition to the validation of the ss715650404 marker, aiming at its utilization in marker assisted selection programs.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L, *Xanthomonas Axonopodis* pv. *phaseoli*, GWAS.