



Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



Fontes de resistência a *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* em cultivares comerciais de feijão comum dos tipos carioca e preto

GIOVANNI CARLOS DA SILVA CRUZ^{1,3}; JORGE LUIS BADEL^{1,4}; LUIS ALEXANDRE PEIXOTO PINTO COELHO¹; FRANCISCO HENRIQUE NUNES DA SILVA ALVES¹; JOSÉ EUSTÁQUIO DE SOUZA CARNEIRO²

¹ Laboratório de Fitobacteriologia Molecular, Departamento de Fitopatologia; ² Departamento de Agronomia. Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Viçosa
e-mail: ³ giovanni.cruz@ufv.br ; ⁴ jorge.badel@ufv.br

Palavras-chave: Crestamento Bacteriano Comum, AACPD, Severidade

Introdução

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento emblemático na mesa do brasileiro, desempenhando um papel nutricional e social fundamental. Dentre os desafios que os produtores de *P. vulgaris* enfrentam está o Crestamento Bacteriano Comum (CBC), causado pela bactéria Gram-negativa *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* (*Xpp*), provocando perdas substanciais na produção. O método de controle mais desejável para o CBC é o uso de resistência varietal. No entanto, devido à variabilidade genética da bactéria novas fontes de resistência devem ser procuradas.

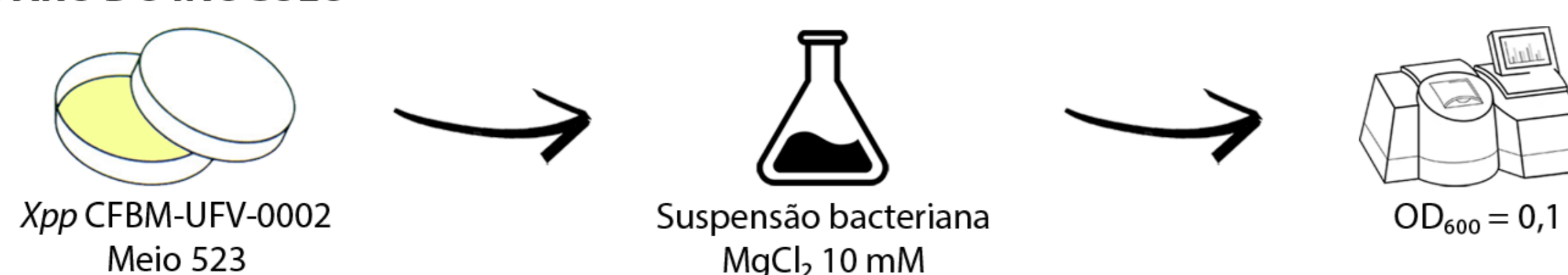
Objetivos

Identificar fontes de resistência a *Xpp* em 80 cultivares de feijão comum, dos grupos carioca e preto, bem como identificar polimorfismos de nucleotídeo único (*Single-Nucleotide Polymorphisms*; SNPs) potencialmente associados à resistência de *P. vulgaris* contra *Xpp* por meio de estudo de associação genômica ampla (*Genome-Wide Association Study*, GWAS) no conjunto de 80 cultivares fenotipadas.

Material e Métodos

IDENTIFICAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO COMUM RESISTENTES A *Xpp*

PREPARO DO INÓCULO



INOCULAÇÃO



AValiação DE SINTOMAS



IDENTIFICAÇÃO DE SNPs POTENCIALMENTE ASSOCIADOS A RESISTÊNCIA A *Xpp*



Resultados

No total, 6 cultivares foram classificados como resistentes a *Xpp* (severidade $\leq 3,0$), 6 como moderadamente resistentes (3,6-4,0), 31 como moderadamente suscetíveis (4,2-5,0) e 37 como suscetíveis ($\geq 5,2$) e se encontraram 5 SNPs potencialmente associados à resistência.

Tabela 1. Grupos de resistência/suscetibilidade a *Xpp* em cultivares de *P. vulgaris*

CULTIVARES SUSCETÍVEIS (AACPCB 50,4-77,6)
Carioca MG*, BRS Estilo*, Pérola*, FT 120, BRS Majestoso*, IAC Tunã, IRAÍ, IAC – Carioca Pyatã*, Carioca 1030*, IAC Alvorada*, IAC–Uma, BRS Notável*, IAC–Ybaté*, IPR Uirapurú, IPR 139*, Rico 1735, Moruna, IAC Carioca*, BRS Cometa*, Milionário 1732, IAPAR 57*, IAC – Carioca Akytá*, IPR Tiziu, Rio doce*, Rudá*, VC 15*, IAPAR 81*, IPR Andorinha*, BRSMG Madrepérola*, BR1 Xodó, IPR Colibri*, IAPAR 44, Carioca 80*, BRS–IPAGRO 2–Pampa, IPR Tangará*, Carioca 1070*, Ouro Negro
CULTIVARES MODERADAMENTE SUSCETÍVEIS (AACPCB 38,0-50,0)
IAPAR 20, SCS Guará*, IAPAR 31*, IAPAR 16*, BR-IPA 10, IPR Eldorado*, VP 33, Rudá R*, IAC–Apuã*, BRS Requite*, BRS Pontal*, BR IPA 11 Brígida*, BR–IPAGRO 1– Macanudo, IAC Votuporanga*, Varre–Sai, IPR Tuiuiu, IPR Campos Gerais, BRS Grafite*, IAPAR 8–Rio Negro*, Rio Tibagi, VP 22, Aporé*, Onix, IPR Saracura*, Capixaba Precoce, IAPAR 65, Rico 23, Diamante Negro, BRS Expedito, FT bonito*, IPR Graúna
CULTIVARES MODERADAMENTE RESISTENTES (AACPCB 31,2-37,2)
BR–3 Ipanema, Preto Uberabinha, BRS Supremo, BRS Esplendor, BRSMG Pioneiro*, BRS Valente
CULTIVARES RESISTENTES (AACPCB 19,0-29,0)
BRS Campeiro, IPR Gralha, IAC Imperador*, IAC Formoso*, BR2 Grande Rio, BRSMG Talismã*

* Cultivar do tipo carioca.

Tabela 2. SNPs de *P. vulgaris* com associação significativa ao fenótipo de resistência a *Xpp*

Marcador SNP	Cr ¹	Posição no genoma (pb)	Gene candidato	Possível função
74	1	15214491	PhvuI.001G085200	LirI regulado pela luz
308	1	42448516	PhvuI.001G163400	Família de transportadores de oligopeptídeos dependentes de próton
311	1	52001027	PhvuI.001G267900	Semelhante a fosfatase dependente de metal
300	2	12806073	PhvuI.002G083200	Proteína 2 interagente com domínio Wpp ancorada à cauda
16	9	21976209	PhvuI.009G151200	Proteína da super família semelhante à Pectinase

¹ Cr, cromossomo.

Conclusões

Conclui-se que fontes de resistência a *Xpp* foram encontradas em seis cultivares de *P. vulgaris* com base na severidade da doença. Além disso, cinco SNPs que se encontram dentro de genes que codificam proteínas de funções bioquímicas diversas foram identificados no GWAS.

Apoio financeiro



Agradecimentos

