



**11º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC
2017**

02 a 04 de agosto de 2017 – Campinas, São Paulo

ISBN 978-85-7029-141-7

SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES VISANDO À RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM FEIJOEIRO COMUM

Lucas Rossi Lazaretti **Novo**^{1*}; Gabriel Francesco Janini **Bonfante**²; Caleo
Panhoca de **Almeida**³; Alisson Fernando **Chiorato**⁴, Luciana Lasry Benchimol **Reis**⁵

Nº 17125

RESUMO – O feijão é muito importante para a dieta humana por conter grande quantidade de proteína vegetal. Porém, doenças como a antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum* Sacc & Magnus), afetam o seu rendimento. Esta doença mostra padrão quantitativo de resistência genética e vários QTLs devem ser introduzidos para produzir uma resistência duradoura. Em um programa de retrocruzamentos, visando obter resistência à antracnose, a cultivar IAC-Formoso (mesoamericana, genitor doador) foi cruzada com a cultivar Pérola (mesoamericana, genitor recorrente). A análise do DNA da progênie RC1 com marcadores moleculares (SCARs e SSRs) foi realizada. Análise DAPC (Discriminant analysis of principal components) em duas dimensões com os 12 locos e 29 genótipos (selecionadas a partir dos 60 RC1 iniciais) e mostrou baixa estruturação entre os genótipos FP RC1, como que era esperado já que é uma progênie altamente heterozigota proveniente de um só pool gênico. Os indivíduos 14, 15, 17 e 28 ficaram mais afastados dos demais. Estes indivíduos e suas respectivas progênies F3RC2 serão eliminados, a fim de selecionar indivíduos para o GBS (Genotipagem por Sequenciamento). A análise de severidade da doença na população F3RC2 será realizada no 2º semestre e os dados serão utilizados para mapeamento dos locos associados a resistência a antracnose juntamente com os marcadores SNPs gerados por GBS.

Palavras-chaves: *Phaseolus vulgaris* L., Microsatélites, SCARs, Genotipagem.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Engenharia Química, ESAMC, Campinas-SP; rossi.lazaretti@gmail.com

2 Colaborador, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Ciências Biológicas, PUCC, Campinas - SP;
3 Colaborador, Bolsista FAPESP, Mestrando em Genética, Melhoramento e Biotecnologia Vegetal, Programa de Pós-Graduação, Instituto Agrônomo (IAC), Campinas - SP.

4 Colaborador, Chefe do Centro de Grãos e Fibras do Instituto Agrônomo (IAC), Campinas – SP.

5 Supervisor: Pesquisadora do Instituto Agrônomo (IAC), Centro de P&D em Rec. Genéticos Vegetais, Campinas - SP; llasry@iac.sp.gov.br.



**11º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC
2017**

02 a 04 de agosto de 2017 – Campinas, São Paulo

ISBN 978-85-7029-141-7

**MARKER ASSISTED SELECTION FOR ANTHRACNOSE RESISTANCE IN
COMMON BEANS**

Lucas Rossi Lazaretti **Novo**^{1*}; Gabriel Francesco Janini **Bonfante**²; Caleo
Panhoca de **Almeida**³; Alisson Fernando **Chiorato**⁴; Luciana Lasry Benchimol **Reis**⁵

Nº 17125

ABSTRACT- Beans are very important for the human diet because they contain a lot of vegetable protein. However, diseases such as anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum* Sacc & Magnus), affect its yield. This disease shows quantitative pattern of genetic resistance and several genes must be introduced to produce a lasting resistance. In a backcross program, in order to obtain resistance to anthracnose, the cultivar IAC-Formoso (mesoamerican, donor parent) was crossed with the cultivar Pérola (mesoamerican, recurrent parent). DNA analysis of the RC1 progeny with molecular markers (SCARs and SSRs) was performed. DAPC (Discriminant analysis of main components) in two dimensions, with 12 loci and 29 genotypes (selected from the initial 60 RC1) showed a low structuring among the FP RC1 genotypes, as was expected since it is a highly heterozygous progeny from a single gene pool. Individuals number 14, 15, 17 and 28 were further away from the others. These individuals and their respective F3RC2 progenies will be eliminated in order to select individuals for the GBS (Genotyping by Sequencing). The analysis of disease severity in the F3RC2 population will be performed in the 2nd semester and the data will be used to map the anthracnose resistance loci together with the GBS SNPs data.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., Microsatellites, SCARs, Genotyping.

1 Author, CNPq Scholarship (PIBIC): Graduation in Chemical Engineering, ESAMC, Campinas-SP; Rossi.lazaretti@gmail.com

2 Contributor, CNPq Scholarship (PIBIC): Graduation in Biological Sciences, PUCC, Campinas - SP;

3 Contributor, FAPESP Scholarship, Master's Degree in Genetics, Breeding and Plant Biotechnology, Graduate Program, Instituto Agronômico (IAC), Campinas - SP.

4 Contributor, Head of the Center of Grains and Fibers of the Agronomic Institute (IAC), Campinas - SP.

5 Supervisor: Researcher of the Agronomic Institute (IAC), Plant Genetic Resources Research Center, Campinas - SP; llasry@iac.sp.gov.br.