

Título: Nº 689 - Estudos de seleção genômica ampla assistida (GWAS) para identificação de marcadores e genótipos com resistência a estresses bióticos

Responsável: Luiz Filipe Protasio Pereira.

Período: 01/05/2020 a 18/12/2023.

Resumo: A produção de café é limitada por um número de doenças, incluindo mancha aureolada causada por *Pseudomonas syringae* pv. *garcae*. Ela é responsável por danos graves em viveiros e em novas plantações sendo que o desenvolvimento de variedades resistentes a doença é uma alternativa mais sustentável para cafeicultura. A cafeicultura brasileira também sofre grandes prejuízos econômicos devido aos nematoides *Meloidogyne paranaensis* e *M. incognita*. Neste projeto, pretendemos identificar marcadores SNPs de *C. arabica* através da genotipagem por sequenciamento, analisar o desequilíbrio de ligação entre estes marcadores e utilizá-los em estudos de associação genômica para resistência a *P. syringae* e para os nematoides (*Meloidogyne paranaensis* e *M. incognita*) em uma coleção de acessos provenientes do centro primário de origem da espécie. Além disso os marcadores SNPs identificados serão validados para iniciarmos trabalhos de Seleção Assistida por Marcadores dentro do programa de melhoramento de cafeeiros do IDR-PARANÁ.

Ações: Produzir um painel de marcadores SNPs através da análise de dados de GBS alinhados no genoma de referência de *C. arabica*. Identificar marcadores SNPs associados à resistência a mancha aureolada e à nematoides em cafeeiros via GWAS. Caracterizar genes posicionados nas regiões genômicas próximas a esses marcadores que contribuam para o esclarecimento do mecanismo de resistência do cafeeiro ao patógeno; Validar marcadores moleculares para programas de melhoramento do cafeeiro que visem obter cultivares resistentes à mancha aureolada; Construção de um banco de dados com os resultados de genotipagem e fenotipagem obtidos, possibilitando a utilização dos resultados por outros pesquisadores

Metas: Associação Genômica: Obter no mínimo 5 SNPs associados para cada característica fenotípica analisada. Fenotipagem de 125 a 150 genótipos de *Coffea arabica* para estudos de associação genômica ampla para resistência a *M. paranansis* e *M. incognita*. O conjunto de informações deverá ser integrado num banco de dados fenotípicos dos genótipos utilizados.

Fenotipagem e análise dados: 120 a 150 acessos fenotipados para resistência a mancha aureolada e nematoides; Identificação de 2 a 5 plantas resistentes a *P. syringae*; Identificação de 2 a 5 plantas resistentes a *Meloidogyne paranaensis* e *M. incognita*. Genotipagem dos acessos: Painel de 130 a 150 acessos genotipados com mínimo de 10 mil SNPs para estudos de associação. Orientação de alunos de Graduação e Pós-Graduação. Publicar dois a três artigos sobre Associação Genômica para estresses bióticos. Validação de marcas para o melhoramento: validar pelo menos duas marcas para cada característica fenotipada.