

## RESUMO - BIOTECNOLOGIA E GENÔMICA

### **ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA COMPOSTOS BIOQUÍMICOS LIGADOS À QUALIDADE DE BEBIDA EM GERMOPLASMA SILVESTRE DE COFFEA ARABICA**

*Caroline Ariyoshi (carolineariyoshi@hotmail.com)*

*Rafaelle Vecchia Ferreira (rafaelle.ferreira@gmail.com)*

*Livia Maria Nogueira Brito (livia.nogueira@hotmail.com)*

*Cíntia Sorane Good Kitzberger (cintia\_kitzberger@idr.pr.gov.br)*

*Gustavo Hiroshi Sera (gustavosera@idr.pr.gov.br)*

*Luiz Filipe Protasio Pereira (filipe.pereira@embrapa.br)*

O café arábica, por apresentar melhor qualidade na bebida, é preferido entre as demais espécies do gênero e representa 70% do café consumido no mundo. Dessa forma, a qualidade de bebida é um importante critério de seleção no melhoramento de *Coffea arabica*. Teores de compostos bioquímicos como cafeína (CAF), ácidos clorogênicos (ACG), açúcares totais (AT), sacarose (SAC), lipídios (LIP), proteínas (PROT) e taninos (TAN) em grãos de café são determinantes para a qualidade de bebida. Estudos de associação genômica ampla (GWAS) dissecam com eficácia características complexas e podem explorar a diversidade genética encontrada entre genótipos não aparentados. Em *C. arabica* uma fonte de diversidade genética é encontrada em uma coleção de acessos silvestres originários do centro de origem da espécie, a Etiópia. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo identificar os teores de CAF, ACG, AT, SAC, LIP, PROT e TAN em grãos de café cru em acessos

silvestres de *C. arabica* e marcadores SNPs ligados ao perfil metabólico desses compostos. Para isso, foi utilizado Genotyping by Sequencing (GBS) e análises Near Infrared Spectroscopy (NIRS) para o conteúdo de ACG, CAF, SAC, LIP, PROT e TAN, de 67 acessos silvestres de *C. arabica*. Além disso, foi realizada uma Análise de Componentes Principais e Análise de Agrupamento Hierárquico aplicadas à matriz formada por genótipos e componentes químicos. A partir dos dados de GBS alinhados ao genoma de referência de *C. arabica* Et39, após filtros de qualidade ( $MAF > 0.05$  e  $call\ rate > 0.8$ ), 10.451 SNPs foram selecionados. Através do GWAS, utilizando o modelo FarmCPU e a limiar  $p\text{-valor} < 0.05$ , foram identificados 25 SNPs associados aos teores dos compostos bioquímicos. Os acessos portadores dos SNPs associados apresentaram um valor de mediana significativamente maior para os respectivos teores bioquímicos avaliados. Acessos com um SNP, localizado no cromossomo (chr) 2 subgenoma (sb) eugenioides, apresentaram teor 1,8 vezes maior de ACG. Em relação à AT e CAF, acessos portadores de SNPs associados apresentaram teores 1,57 e 1,36 vezes maiores destes componentes bioquímicos, respectivamente. Próximo a um SNP associado para teor de CAF, foi identificado um gene com anotação funcional para S-adenosylmethionine (enzima da via metabólica da cafeína). As análises de agrupamento identificaram três grupos entre os acessos, entre esses, um grupo ( $n = 18$ ) apresentou baixos níveis de ácidos clorogênicos e cafeína, e um maior teor de açúcares. Os SNPs, identificados neste trabalho, podem ser utilizados para maiores ganhos genéticos por ciclo de seleção em programas de melhoramento para a qualidade de bebida de *C. arabica*. Além disso, as análises de agrupamento identificaram acessos silvestres com características promissoras para o melhoramento.