

# Re-sequenciamento genômico da cultivar de feijoeiro comum Pérola (*Phaseolus vulgaris* L.)

Jorge Freitas Cieslak<sup>1</sup>, Guilherme Graciano Levindo<sup>2</sup>, Rosana Pereira Vianello<sup>3</sup>

O sequenciamento total do genoma do feijoeiro comum de uma linhagem Mesoamericana (BAT93) e Andina (G19833) contempla fortemente o avanço e a incorporação de tecnologias da genômica junto ao melhoramento genético dessa espécie conduzindo ao estabelecimento de novos paradigmas para o desenvolvimento de cultivares superiores de feijoeiro comum. A disponibilidade de informação de genoma estrutural e funcional amplamente gerada nos últimos anos através das tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS) vem melhorando nossa capacidade de estudar as variações entre genomas de modo detalhado. A cultivar Pérola foi lançada pela Embrapa Arroz e Feijão em 1995 e ainda ocupa uma importante posição entre os materiais mais cultivados no Brasil. O objetivo desse estudo é realizar através dos dados de re-sequenciamento da cultivar Pérola as análises de montagem, anotação e identificação de variações nucleotídicas através do alinhamento com os genomas de referência das variedades BAT93 e G19833 de feijoeiro comum. O sequenciamento do genoma da cultivar Pérola foi realizado com a tecnologia NGS utilizando sequenciador Genome Analyzer II (Illumina). Como resultados foram gerados 88.143.250 sequências únicas de alta qualidade com comprimento de 76pb, totalizando 11x de cobertura de genoma de feijoeiro comum. A análise de alinhamento das sequências revelou que 75% das sequências de Pérola alinharam-se com o genoma BAT93 e 68% alinharam com o genoma G19833 em uma única posição. Foram identificados 510.659 SNPs e 73.433 indels quando comparado ao genoma BAT93 e 1.403.541 SNPs e 146.529 indels quando comparado com o genoma G19833 com, no mínimo, 10x de cobertura. O sequenciamento de novas cultivares de pools gênicos divergentes, bem como acessos de espécies silvestres, irá ampliar o conhecimento sobre variações de único nucleotídeo ao longo do genoma assim como identificar e caracterizar a extensão do desequilíbrio de ligação em feijoeiro comum, o que possibilitará a reprodução assistida por marcadores uma alternativa real para os programas de melhoramento do feijoeiro comum.

<sup>1</sup> Estudante de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, bolsista CAPES na Universidade Federal de Goiás, GO, [jorge\\_cieslak@hotmail.com](mailto:jorge_cieslak@hotmail.com)

<sup>2</sup> Estudante de Biotecnologia, bolsista PIBIC, Universidade Federal de Goiás, GO, [graciano.gui@gmail.com](mailto:graciano.gui@gmail.com)

<sup>3</sup> Bióloga, Ph. D. em Genética Molecular, pesquisadora na Embrapa Arroz e Feijão Santo Antônio de Goiás, GO, [rosanavb@cnpaf.embrapa.br](mailto:rosanavb@cnpaf.embrapa.br)