

CARACTERIZAÇÃO DO GERMOPLASMA DE FEJÓEIRO COMUM COM BASE EM MARCADORES DArT-Seq

Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser¹; Maria Imaculada Zucchi²; Wendell Jacinto Pereira³;
Claudio Brondani⁴; Rosana Pereira Vianello⁴

¹ Mestranda em Genética e Biologia Molecular – UNICAMP/Campinas-SP/Brasil. Analista - Embrapa Arroz e Feijão/Santo Antônio de Goiás-GO/Brasil – email: paula.valdisser@embrapa.br; ² Pesquisadora – APTA/Piracicaba-SP/Brasil. Professora Visitante – UNICAMP/ Campinas-SP/Brasil. ³ Mestrando em Ciências Biológicas – UFG/Goiânia-GO/Brasil; ⁴ Pesquisadores - Embrapa Arroz e Feijão – Santo Antônio de Goiás-GO/Brasil.

O sequenciamento recente do genoma do feijoeiro comum abre possibilidades para o desenvolvimento amplo de ferramentas moleculares para o melhoramento, caracterização de germoplasma e descoberta de genes. Atualmente, a caracterização molecular de alta densidade pode ser realizada a custos bastante reduzidos, como, por exemplo, com a utilização da metodologia de genotipagem por sequenciamento (GbS), fornecendo informação de alta resolução do genoma, a partir do qual milhares de polimorfismos de base única (SNPs) são identificados e genotipados. A ampla diversidade genética presente nos bancos de germoplasma representa um recurso valioso para ser explorado na identificação de ferramentas moleculares com potencial de uso nos programas de melhoramento. Esse estudo teve como objetivo identificar e caracterizar SNPs em um conjunto de acessos de feijão com alta diversidade genética através da metodologia de GbS via DArT-Seq. O experimento de GbS foi realizado com 185 acessos de germoplasma da Coleção Nuclear de Feijão da Embrapa Arroz e Feijão (CONFE), compreendendo variedades tradicionais, linhagens/cultivares brasileiras e introduzidas dos grupos de origem Andina e Mesoamericana. A tecnologia de DArT-Seq GbS, desenvolvida na empresa DArT Pty Ltd., envolveu um processo de digestão de DNA com as enzimas *PstI* e *MseI*, seguido por ligação a adaptadores, enriquecimento por PCR e sequenciamento na plataforma Illumina HiSeq 2000. Um total de 6286 SNPs polimórficos foi identificado. Desses, 5148 (81,9%) sequências que flanqueiam os SNPs obtidos foram alinhadas contra o genoma de *P. vulgaris*, variedade andina (G19833), apresentando uma densidade de 1 SNP a cada 103,14 kb, sendo que o cromossomo 2 apresentou a maior quantidade de SNPs (659). Ao todo, 355 Kpb de sequências foram mapeadas fisicamente nos 11 cromossomos de feijão, apresentando uma distribuição uniforme, das quais 2264 (44%) estão posicionadas em regiões gênicas. O polimorfismo de transição ocorreu em 3476 SNPs (55,3%), com predomínio de Citosina/Timina (923). A proporção de SNPs com *Call Rate* acima de 75% foi de 5531 (88%), indicando baixo número de dados perdidos. A proporção de homocigotos e heterocigotos foi, em média, de 0,88 e 0,04, respectivamente. O conteúdo de polimorfismo (PIC) variou de 0,23 a 0,5, com valor médio de 0,44. A frequência alélica mínima (MAF) variou de 0,13 a 0,5, com média de 0,35. Estimativas de estruturação e determinação de haplótipos estão sendo conduzidas. A identificação de SNPs através de um grupo diverso de germoplasma possibilita que uma maior diversidade genética seja acessada e, conseqüentemente, o desenvolvimento de marcadores mais informativos. A expectativa é de emprego eficiente de painéis de genotipagem que possam ser incorporados em uma rotina de genotipagem acessível e eficaz com amplas aplicações, como na seleção genômica.

Palavras-chave: GBS; SNPs; *Phaseolus vulgaris*.

Apoio Financeiro: EMBRAPA