

MAPA GENÉTICO PARA O FEIJOEIRO-COMUM USANDO MARCADORES SNP E A POPULAÇÃO DE RILs RUDÁ × AND 277

Leonardo Corrêa da Silva^{1*}; Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser²; Cosme Damião Cruz³; José Eustáquio de Souza Carneiro¹; Pedro Crescêncio Souza Carneiro³; Carlos Eduardo Lazarini da Fonseca⁴; Beatriz Fernandes de Seia Gonçalves¹; Everaldo Gonçalves de Barros⁵; Marcial A. Pastor-Corrales⁶; Qijian Song⁶; Perry B. Gregan⁶; Rosana Pereira Vianello²; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza²

¹Universidade Federal de Viçosa, Campus Viçosa, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, MG, Brasil. ²Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, Brasil. ³Universidade Federal de Viçosa, Campus Viçosa, Departamento de Biologia Geral, Viçosa, MG, Brasil. ⁴Embrapa Labex USA, USDA-ARS/OIRP, Beltsville, MD, Estados Unidos da América. ⁵Universidade Católica de Brasília, Brasília, DF, Brasil. ⁶Soybean Genomics and Improvement Laboratory, USDA-ARS/BARC-W, Beltsville, MD, Estados Unidos da América. *Autor para correspondência: leocalvino@yahoo.com.br

Mapas genéticos são úteis ao melhoramento genético, pois permitem visualizar a detecção da associação entre marcadores moleculares do DNA e genes de interesse e, conseqüentemente, a seleção assistida de locos associados a características qualitativas e quantitativas. Uma grande diversidade de mapas já foi desenvolvida para a cultura do feijoeiro a partir de diferentes tipos de populações e utilizando variadas classes de marcadores moleculares. Entretanto, as populações atuais são de tamanho reduzido, o que compromete a acurácia das estimativas de recombinação entre locos. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi construir um mapa de ligação genética robusto e saturado a partir de 376 RILs de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) derivadas do cruzamento Rudá x AND 277, denominadas RILs RA, e marcadores SNP, visando selecionar um conjunto apropriado de marcadores para trabalhos futuros de análise de QTLs. A genotipagem dos marcadores foi realizada no *Soybean Genomics and Improvement Lab*, USDA-ARS/BARC-W (Beltsville, MD, EUA), utilizando o BARBean6K_3 *Illumina BeadChip*, constituído por 5.398 SNPs, e a plataforma de genotipagem *Illumina Infinium HD Assay Ultra*[®], seguindo o protocolo e as orientações do fabricante. O programa Gqmol foi utilizado como auxílio nos testes de segregação de marcadores e nas análises de mapeamento genético. Para o teste de segregação avaliou-se a ocorrência do padrão de segregação esperado de 1:1, por meio da estatística de qui-quadrado, e nível de significância, para cada teste, igual a 5% de probabilidade. Para recuperar os 11 grupos de ligação genética, como ocorrem no genoma do feijoeiro, foi estabelecido o valor do limite de detecção (LOD) de 3,0 e frequência máxima de recombinação de 32,3%. Dos 5.398 marcadores SNP testados, 3.288 foram informativos, pois foram polimórficos na população de mapeamento e apresentaram alta qualidade de chamada dos alelos. Desses foram eliminados 196 SNPs, porque foram monomórficos nos pais e/ou apresentaram falhas na genotipagem dos mesmos, não fazendo sentido a comparação com os alelos das RILs em ambos os casos. Após o teste de segregação dos 3.092 marcadores, 1.035 foram eliminados. O mapa obtido foi formado por 2.057 marcadores, distribuídos em 11 grupos de ligação (designados de B1 a B11), totalizando 1.197,97 cM. A taxa de conversão de marcadores em locos foi 63,44%, permitindo a obtenção de 1.305 locos marcadores para trabalhos futuros de análise de QTLs. O mapa foi densamente saturado com distância média entre locos de 1,27 cM e 98,38% de distâncias entre locos menores ou iguais a 5,0 cM. Conclui-se que o maior tamanho da população de RILs RA permitiu a obtenção de um mapa genético com estimativas de frequência de recombinação acuradas. O número de marcadores utilizados propiciou boa saturação em todos os GLs, o que permitirá a detecção de QTLs muito próximos a marcadores SNPs, potencializando a seleção assistida.