

# Tecnologia de análise genômica (SNP assay) aplicada aos recursos genéticos e melhoramento do feijão

Isabela Pavanelli de Souza<sup>1</sup>, Beatriz Rosa de Azevedo, Alexandre Siqueira Guedes Coelho, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza, Claudio Brondani e Rosana Pereira Vianello

<sup>1</sup> Pós-doutoranda em Biologia, Embrapa arroz e feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. E-mail: isabela.pavanelli@gmail.com

**Resumo** - As novas tecnologias genômicas têm revolucionado a forma de se fazer melhoramento genético. O volume crescente de informações moleculares e os recursos de bioinformática disponíveis tem possibilitado converter esses recursos genômicos em ferramentas operacionais úteis para os programas de melhoramento genético do feijão-comum. O objetivo central desse estudo é o desenvolvimento de painéis de SNPs de baixa e média densidade a partir de polimorfismo acessado no germoplasma brasileiro para genotipagem via AgriSeq™. Para isso foram sequenciados utilizando a estratégia de *Whole Genome Sequencing* (WGS) um conjunto de 41 genótipos de feijão selecionado pelos melhoristas com base em seus atributos agronômicos e oriundos de diferentes programas de melhoramento para compreender a diversidade de sequências necessária para o desenvolvimento da ferramenta molecular. O WGS foi realizado no equipamento NovaSeq, a detecção de variantes foi realizada com o Freebayes, para os filtros de qualidade foram utilizados o VCFtools e o pacote vcfR no ambiente R, a anotação funcional foi feita com NGSEP. Ao todo foram identificados mais de 6 milhões de SNPs, distribuídos nos 11 cromossomos do genoma de feijão. Após a implementação de filtro de qualidade e variantes úteis foram estabelecidos 367.806 SNPs com média por cromossomo de 33.437 SNPs. Os efeitos são de impacto principalmente modificador (97,23%), mas também baixo (1,35%), moderado (1,39%) e alto (0,03%). A maior parte (72,7%) se localiza em regiões intergênica, seguida por genes (16,67), regiões *upstream* e *downstream* (12,31%), íntrons (10,63%) e regiões 5' e 3' UTR (1,59%). A taxa Ts/Tv foi de 1,50. Esse conjunto de informação é a base para o desenvolvimento de uma tecnologia de inovação, com ampla aplicabilidade e uso efetivo na rotina de seleção de genótipos superiores junto aos programas de melhoramento de feijão e caracterização de germoplasma no Brasil.

Termos para indexação: melhoramento molecular, *SNP-chips*, *Phaseolus vulgaris*, *wholegenome sequencing*.