

Caracterização dos Atributos Estrutural e Funcional de Marcadores SNPs Identificados no Genoma de Feijão⁽¹⁾

Beatriz Rosa de Azevedo², Isabela Pavanelli de Souza³, Alexandre Siqueira Coelho⁴, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁵, Claudio Brondani⁶, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser⁷ e Rosana Pereira Vianello⁸

¹ Pesquisa financiada pela Embrapa Arroz e Feijão e CNPq.

² Graduada em Biotecnologia, bolsista de iniciação científica da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³ Bióloga, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁷ Farmacêutica, mestre em Genética e Biologia Molecular, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁸ Bióloga, doutora em Biologia Molecular Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura de grande importância nutricional e considerável valor socioeconômico. Seu genoma é estimado em ~550Mb, contendo, aproximadamente, 30 mil genes. Ampliar a resolução do genoma no germoplasma de interesse é fundamental para explorar polimorfismos em regiões portadoras de genes com valor agrônômico. Este trabalho objetivou identificar e caracterizar os atributos estruturais e funcionais marcadores SNPs (Polimorfismos de Nucleotídeo único) obtidos por ressequenciamento de variedades de feijoeiro-comum. A partir do sequenciamento genômico completo (*whole genome sequencing*) de 11 variedades de feijão com valor agrônômico destacado, foram identificados 409 mil SNPs. Os SNPs posicionados em regiões de DNAs repetitivos foram filtrados utilizando a ferramenta VCFTools. Para anotação dos SNPs e predição de efeitos foi utilizada a ferramenta SnpEff. A filtragem de regiões repetitivas resultou num conjunto de 236 mil SNPs, dos quais 74.927 localizados em regiões gênicas. A anotação identificou um SNP a cada 6.859 bases, com taxa de 0,97 Ts/Tv. A maioria dos efeitos preditos foram de impacto modificador (83%), seguido de baixo (9%) e moderado (7%). De acordo com a classe funcional, 51% foram identificados como silenciosos. A maior parte dos SNPs (38%) foram localizados em íntrons, seguidos das regiões *downstream* (22%) e *upstream* (16%). Os resultados permitiram a dissecação genética de importantes regiões no genoma do feijão, que poderão ser transformados em ferramentas moleculares úteis para o melhoramento da cultura.