

Ressequenciamento de Feijão para Identificação de Variantes Nucleotídicas (SNPs) em Genes de Valor Agronômico⁽¹⁾

Beatriz Rosa de Azevedo², Alexandre Siqueira Coelho³, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁴, Claudio Brondani⁵, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser⁶ e Rosana Pereira Vianello⁷

¹ Pesquisa financiada pela Embrapa Arroz e Feijão.

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

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Farmacêutica, mestre em Genética e Biologia Molecular, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁷ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, 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 ~30 mil genes, dos quais foram identificados 850 genes putativos de resistência. Nesse cenário, ampliar a resolução do genoma no germoplasma de interesse é fundamental para explorar polimorfismos em regiões portadoras de genes com valor agronômico. Este trabalho teve como objetivo realizar o ressequenciamento de variedades de feijão para a identificação de variantes moleculares com distribuição ampla e homogênea no genoma. O material genético foi obtido de 11 variedades de feijão diferenciadoras para a antracnose e a mancha-angular e enviado para sequenciamento genômico completo (*whole genome sequencing*) na empresa Illumina (EUA). O sequenciamento foi realizado a partir de bibliotecas Nextera® DNA flex, utilizando NovaSeq PE150. As sequências obtidas foram submetidas à análise de qualidade e remoção de contaminantes, utilizando as ferramentas FastQC e Trimmomatic. A cobertura do sequenciamento foi determinada e realizado o alinhamento com o genoma de referência G2333. A busca por variantes polimórficas utilizou o Genome Analysis Toolkit (GATK). Os resultados revelaram ausência de sequências de baixa qualidade, sendo identificados ~6 milhões de sequências com tamanho médio de 151 pb. A cobertura média foi de 15 vezes e o alinhamento com o genoma de referência foi de 97,5%. Foram identificados 11,5 milhões de SNPs, distribuídos nos 11 cromossomos de feijão, com 1,8 Ts/Tv. Os resultados permitirão a dissecação genética de importantes regiões no genoma de feijão e futuras implementações em estratégias de melhoramento para a cultura.