

# Identificação de SNPs Associados a Importantes QTLs de Interesse Agrônômico para o Feijoeiro-Comum<sup>1</sup>

**Maria Beatris de Jesus Sousa<sup>2</sup>, Isabela Pavanelli de Souza<sup>3</sup>, Claudio Brondani<sup>4</sup> e Rosana Pereira Vianello<sup>5</sup>**

<sup>1</sup> Pesquisa financiada pela Embrapa Arroz e Feijão e pelo CNPq.

<sup>2</sup> Graduada em biotecnologia, aluna de iniciação científica da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>3</sup> Pós-doutoranda em Biologia, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>4</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular Vegetal, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>5</sup> Bióloga, doutora em Biologia Molecular Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

**Resumo** - O aumento do desempenho produtivo do feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), associado a propriedades tecnológicas dos grãos, características nutricionais, resistência a doenças, dentre outros, tem sido uma constância nos programas de melhoramento genético. São muitos os estudos desenvolvidos para conhecer bases genéticas que controlam essas características através da identificação de locos de caracteres quantitativos (QTLs), motivando explorar os polimorfismos presentes nessas regiões. Este estudo objetivou a identificação de polimorfismos de base única (SNPs) em QTLs para características diversas em feijoeiro-comum. A metodologia baseou-se em uma revisão bibliográfica no banco de dados *Pulse Crop Database* (PDC) para selecionar artigos científicos reportando a identificação de QTLs em feijão. Um conjunto de dados genômicos gerados no âmbito da Embrapa, contendo 420 mil SNPs identificados a partir de 40 genótipos de feijão foi utilizado como arquivo auxiliar para a busca de polimorfismos nas regiões de QTLs alvos. No total, foram identificados 273 SNPs associados a QTLs, sendo 189 SNPs presentes no banco de dados genômicos da Embrapa e 89 coletados diretamente a partir dos dados da literatura. Um maior número de SNPs foi identificado associados a QTLs de produtividade (64,47%), seguido por características nutricionais (16,85%), propriedades tecnológicas (9,89%) e resistência a doenças (8,79%). A distância média estimada de SNPs adjacentes foi de 1.8 Mpb. Os SNPs identificados no trabalho serão integrados a um painel customizado de SNPs para avaliação do germoplasma brasileiro a partir do DNA desses acessos, para uso efetivo na rotina de seleção de genótipos superiores dos programas de melhoramento de feijão da Embrapa.