APLICAÇÕES DO QTL-seq NO MAPEAMENTO DA RESISTÊNCIA A FITOVÍRUS

Gabriel Permanhane da Silva[1], Leticia Rigo Tavares[2], Sylvia Makvereng Satdom[1], Milena Barbosa Parreira da Silva[2], Helaine Christine Cancela Ramos[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro/ Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Avenida Alberto Lamego, 2000, Parque Califórnia – 28013 - 602 – Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil, permanhaneg@gmail.com, sylviamakvereng@yahoo.com, helainecr@uenf.br.
[2]Universidade Federal do Espírito Santo/ Centro de Ciências Agrárias e Engenharias, Alto Universitário, s/n, Guararema – 29500 - 000 – Alegre – ES, Brasil, leticiarigot@hotmail.com, milenabarbosa15041999@gmail.com.

Resumo
O QTL-seq combina a análise de segregantes em massa (BSA) ao sequenciamento genômico para identificar regiões associadas a caracteres de interesse em indivíduos fenotipicamente contrastantes. Esta revisão avaliou sua aplicação ao mapeamento da resistência a fitovírus em diferentes contextos genéticos e fenotípicos. Foram analisados 12 estudos publicados entre 2022 e 2026, abrangendo 13 populações, das quais 76,9% eram F_2, com fenotipagem baseada principalmente em sintomas visuais. Uma única região candidata foi identificada em 69,2% das análises, embora múltiplas regiões tenham sido encontradas em resistências com segregação compatível com heranças mais complexas. Os resultados mostram a aplicação do QTL-seq além de resistências monogênicas e reforçam a importância da fenotipagem para a seleção confiável dos extremos em caracteres mais complexos.

Palavras-chave: Mapeamento genético. Análise de segregantes em massa. Fenotipagem. Arquitetura genética.

Área do Conhecimento: Ciências Biológicas – Genética.

Introdução

A *Bulked Segregant Analysis* (BSA) se baseia na comparação de grupos de indivíduos fenotipicamente contrastantes de uma população segregante, permitindo identificar regiões genômicas associadas a caracteres de interesse (Michelmore *et al*., 1991). Sua integração ao sequenciamento de nova geração originou abordagens como o QTL-seq, que utiliza diferenças nas frequências alélicas entre *bulks* de DNA contrastantes para localizar regiões associadas ao fenótipo, reduzindo a necessidade de genotipagem individual de toda a população. A abordagem pode delimitar diretamente intervalos candidatos relativamente estreitos ou atuar como etapa inicial de mapeamento de QTLs (*Quantitative Trait Loci*), seguida pelo refinamento das regiões identificadas por meio de marcadores adicionais e genotipagem individual da população segregante. Por depender da seleção de indivíduos contrastantes, entretanto, a precisão da fenotipagem e da composição dos *bulks* influencia diretamente o poder de detecção da abordagem, sobretudo em caracteres de maior complexidade (Takagi *et al*., 2013; Li; Xu, 2022).

Essa questão é particularmente relevante na resistência a fitovírus, que compreende fenótipos e arquiteturas genéticas diversos, desde resistências monogênicas de segregação discreta até respostas oligogênicas ou quantitativas, mais influenciadas pelo ambiente (Paulukaitis; Carr, 2008; Majumdar *et al*., 2023). Além disso, a resposta do hospedeiro à infecção pode envolver tanto mecanismos de resistência, associados à restrição da infecção ou do acúmulo viral, quanto relacionados à redução dos danos sem necessariamente limitar o vírus, podendo ambos coexistir em um mesmo genótipo (Bruening, 2006; Pagán; García-Arenal, 2018; Jeger, 2022). Diante desse cenário, esta revisão teve como objetivo caracterizar como o QTL-seq vem sendo empregado no mapeamento da resistência a fitovírus frente a diferentes contextos fenotípicos e arquiteturas genéticas, considerando as populações de mapeamento, estratégias de fenotipagem e composição dos *bulks*, bem como as regiões genômicas identificadas.

Metodologia

Foi realizada uma revisão narrativa estruturada sobre a aplicação de QTL-seq e abordagens equivalentes de BSA associadas ao sequenciamento genômico no mapeamento da resistência a fitovírus. Foram considerados artigos publicados entre 2022 e 2026, recuperados nas bases Web of Science, Scopus e PubMed, com busca complementar no Google Scholar. As buscas combinaram *"QTL-seq"*, *"BSA-seq"* e *"bulk segregant analysis"* com *"plant virus"*, *"virus resistance"* e *"virus tolerance"*. Foram incluídos estudos com populações segregantes, *bulks* fenotipicamente contrastantes, sequenciamento de DNA e análise de frequência alélica para identificação de regiões associadas à resistência viral. Excluíram-se estudos com patógenos não virais, BSA sem sequenciamento genômico, RNA-seq/BSR-seq, MutMap, GWAS, mapeamento convencional sem sequenciamento de *bulks* ou dados insuficientes para as análises. A seleção envolveu triagem de títulos e resumos, seguida da leitura dos textos completos elegíveis. Foram extraídos dados sobre patossistema, população de mapeamento, fenótipo da fonte resistente, arquitetura genética sugerida pela segregação fenotípica, inoculação, fenotipagem, composição dos *bulks* e regiões candidatas. Populações independentes de um mesmo estudo foram analisadas separadamente. A análise restringiu-se à etapa de QTL-seq, desconsiderando etapas posteriores de *fine mapping*, desenvolvimento de marcadores e validação funcional.

Resultados

Foram selecionados 12 estudos publicados entre 2022 e 2026. Gao *et al.* (2025) utilizaram duas fontes de resistência em populações F_2 independentes, cujos resultados foram analisados separadamente, totalizando 13 fontes de resistência caracterizadas. Predominaram culturas hortícolas, com maior representação de Solanaceae e Cucurbitaceae. *Begomovirus* e *Potyvirus* foram os gêneros virais mais frequentes (quatro estudos cada). Das 13 fontes de resistência, oito apresentaram ausência e cinco redução dos sintomas. A presença do vírus no parental resistente foi avaliada em sete fontes, sendo detectada em cinco e não detectada em duas; apenas quatro tiveram o acúmulo viral quantificado, sempre reduzido em relação ao parental suscetível. Com base na segregação fenotípica, independentemente dos resultados do mapeamento, a arquitetura genética foi caracterizada como monogênica em cinco casos, oligogênica em cinco e quantitativa em três (Tabela 1).

Tabela 1. Caracterização dos patossistemas e das fontes de resistência a fitovírus investigadas por QTL-seq em estudos publicados entre 2022 e 2026.
n.a.: não avaliado. MYMIV: Mungbean yellow mosaic India virus; TuMV: Turnip mosaic virus; PRSV-W: Papaya ringspot virus type W; SMV: Soybean mosaic virus; SMV-SC15: Soybean mosaic virus strain SC15; CGMMV: Cucumber green mottle mosaic virus; ToCV: Tomato chlorosis virus; PSMV: Pigeonpea sterility mosaic virus; TSWV: Tomato spotted wilt virus; ChLCV: Chilli leaf curl virus; ToLCBaV: Tomato leaf curl Bangalore virus; ToLCNDV: Tomato leaf curl New Delhi virus.

(Continua)

Estudo	Patossistema	Fenótipo Resistente (Infecção/Sintomas/Carga Viral)	Arquitetura Sugerida
Dhaliwal *et al.* (2022)	*Vigna mungo* × MYMIV	n.a. / Ausentes / n.a.	Monogênica
Lu *et al.* (2022)	*Brassica rapa* × TuMV	Não detectada / Ausentes / n.a.	Monogênica
Shrestha *et al.* (2022)	*Cucurbita moschata* × PRSV-W	n.a. / Ausentes / n.a.	Oligogênica
Zhang *et al.* (2022)	*Glycine max* × SMV	Detectada / Ausentes / Reduzido	Monogênica
Cai *et al.* (2023)	*Citrullus mucosospermus* × CGMM\	Detectada / Reduzidos / n.a.	Oligogênica
Gao *et al.* (2025)	*Solanum chmielewskii* x ToCV	Detectada / Reduzidos / Reduzido	Quantitativa
Gao *et al.* (2025)	*Solanum peruvianum* × ToCV	Detectada / Ausentes / Reduzido	Quantitativa

Tabela 1. Caracterização dos patossistemas e das fontes de resistência a fitovírus investigadas por QTL-seq em estudos publicados entre 2022 e 2026.
n.a.: não avaliado. MYMIV: Mungbean yellow mosaic India virus; TuMV: Turnip mosaic virus; PRSV-W: Papaya ringspot virus type W; SMV: Soybean mosaic virus; SMV-SC15: Soybean mosaic virus strain SC15; CGMMV: Cucumber green mottle mosaic virus; ToCV: Tomato chlorosis virus; PSMV: Pigeonpea sterility mosaic virus; TSWV: Tomato spotted wilt virus; ChLCV: Chilli leaf curl virus; ToLCBaV: Tomato leaf curl Bangalore virus; ToLCNDV: Tomato leaf curl New Delhi virus.

(Conclusão)

Estudo	**Patossistema**	**Fenótipo Resistente (Infecção/Sintomas/Carga Viral)**	**Arquitetura Sugerida**
Rangari *et al.* (2025)	*Cajanus cajan* × PSMV	n.a. / Reduzidos / n.a.	Oligogênica
Qi *et al.* (2025)	*Solanum lycopersicum* × TSWV	Detectada / Ausentes / Reduzido	Monogênica
Tang *et al.* (2025)	*Glycine max* × SMV-SC15	Detectada / Reduzidos / n.a.	Oligogênica
Timmarao *et al.* (2025	*Capsicum annuum* × ChLCV	Não detectada / Ausentes / n.a.	Monogênica
Chidambara *et al.* (20	*Solanum lycopersicum* × ToLCBaV	n.a. / Ausentes / n.a.	Quantitativa
Ghoshal *et al.* (2026)	*Cucumis sativus* × ToLCNDV	Detectada / Ausentes / Reduzido	Monogênica

Fonte: Os autores.

Tabela 2. Características experimentais e regiões candidatas identificadas por QTL-seq em estudos de resistência a fitovírus publicados entre 2022 e 2026.
A fenotipagem da população segregante é apresentada na ordem: método de inoculação / critério fenotípico / temporalidade. Sint. ±: presença/ausência de sintomas; P: avaliação pontual; L: avaliação longitudinal; RILs: recombinant inbred lines; R: resistente; S: suscetível; RCs: regiões candidatas; n.d.: não disponível. Os bulks são apresentados como número de indivíduos R + S, e a extensão das RCs corresponde aos intervalos identificados diretamente pelo QTL-seq, sem refinamentos posteriores.

(Continua)

Estudo	**População**	**Fenotipagem Populacional**	**Bulk (R+S)**	**RCs (Mb)**
Dhaliwal *et al.* (2022)	RILs F_6 (n=160)	Natural / Severidade / L	40 + 40	1 (3,4 Mb)
Lu *et al.* (2022)	F_2 (n=464)	Mecânica / Sint. ±; ELISA / P	40 + 40	1 (2,78 Mb)
Shrestha *et al.* (2022)	F_2 (n=118)	Mecânica / Severidade / P	10 + 10	1 (4,31 Mb)
Zhang *et al.* (2022)	RILs F_6 (n=355)	Mecânica / Sint. ± / P	30 + 30	1 (3,42 Mb)
Cai *et al.* (2023)	F_2 (n=304)	Mecânica / Severidade / P	30 + 30	1 (1,01 Mb)
Gao *et al.* (2025)	F_2 (n=235)	Vetor / Severidade / P	15 + 15	2 (7,3/ 0,73 Mb)
Gao *et al.* (2025)	F_2 (n=199)	Vetor / Severidade / P	15 + 15	2 (0,538/ 0,358 Mb)
Rangari *et al.* (2025)	RILs F_8 (n=153)	Vetor / Incidência / L	18 + 18	1 (3,2 Mb)
Qi *et al.* (2025)	F_2 (n=372)	Vetor / Severidade / L	30 + 30	1 (1,70 Mb)
Tang *et al.* (2025)	F_2 (n=518)	Mecânica / Sint. ± / P	50 + 50	2 (2,89/0,48 Mb)
Timmarao *et al.* (2025)	F_2 (n=200)	Vetor / Severidade / L	10 + 10	1 (18 Mb)

Fonte: Os autores.

Tabela 2. Características experimentais e regiões candidatas identificadas por QTL-seq em estudos de resistência a fitovírus publicados entre 2022 e 2026.
A fenotipagem da população segregante é apresentada na ordem: método de inoculação / critério fenotípico / temporalidade. Sint. ±: presença/ausência de sintomas; P: avaliação pontual; L: avaliação longitudinal; RILs: recombinant inbred lines; R: resistente; S: suscetível; RCs: regiões candidatas; n.d.: não disponível. Os bulks são apresentados como número de indivíduos R + S, e a extensão das RCs corresponde aos intervalos identificados diretamente pelo QTL-seq, sem refinamentos posteriores.

(Conclusão)

Estudo	População	Fenotipagem Populacional	Bulk (R+S)	RCs (Mb)
Chidambara *et al.* (2026)	F_2 (n=158)	Vetor / Severidade / L	30 + 30	7 (n.d.)
Ghoshal *et al.* (2026)	F_2 (n=160)	Vetor / Severidade / L	15 + 15	1 (1,8 Mb)

Fonte: Os autores.

Discussão

A aplicação do QTL-seq a resistências com segregação fenotípica compatível com arquiteturas oligogênicas e quantitativas mostra que a abordagem não está restrita a caracteres de herança simples. A BSA foi inicialmente concebida para caracteres controlados por genes de maior efeito, expandindo-se posteriormente para QTLs e características complexas (Zou *et al*., 2016). No conjunto analisado, resistências compatíveis com controle monogênico resultaram predominantemente em uma única região candidata, enquanto as quantitativas apresentaram múltiplas regiões. Entre as oligogênicas, porém, também houve casos com apenas uma região. Esse padrão é compatível com a maior facilidade de detecção de loci que produzem forte diferenciação alélica entre os extremos. Assim, em caracteres potencialmente complexos, o QTL-seq pode ser particularmente útil para identificar componentes de maior efeito, mesmo sem necessariamente recuperar toda a base genética do caráter (Magwene *et al*., 2011; Zou *et al*., 2016).

Nesse contexto, a definição dos extremos ganha maior importância. A predominância de populações F_2 (76,9%) preserva a rapidez do QTL-seq com populações segregantes precoces, mas limita avaliações independentes do mesmo genótipo (Takagi *et al*., 2013; Li; Xu, 2022). Nos três estudos com RILs, genótipos fixados permitiram avaliações em diferentes períodos e/ou ambientes. Avaliações longitudinais, utilizadas em quase metade das análises, também ampliaram a informação temporal disponível para caracterização da resposta, enquanto o predomínio da inoculação artificial reduziu a dependência da ocorrência natural da doença. A fenotipagem, entretanto, baseou-se quase exclusivamente em sintomas visuais, expressos como presença/ausência, incidência ou severidade. Como sintomas, infecção e acúmulo viral não representam necessariamente o mesmo componente da interação planta–vírus (Bruening, 2006; Palukaitis; Carr, 2008), a caracterização da fonte de resistência pode orientar a escolha de critérios fenotípicos mais informativos para o componente que se pretende mapear.

A precisão dessa classificação também se relaciona à composição dos *bulks*. Uma seleção mais restritiva aumenta o contraste entre os extremos, enquanto *bulks* muito pequenos aumentam a variância amostral. Simulações mostram que *bulks* maiores podem elevar o poder de detecção mesmo com menor intensidade de seleção (Magwene *et al*., 2011). Tamanho dos *bulks*, intensidade de seleção e precisão fenotípica são, portanto, componentes interdependentes, sobretudo quando os extremos não formam classes fenotípicas discretas (Magwene *et al*., 2011; Zou *et al*., 2016; Li; Xu, 2022). Estratégias como avaliações longitudinais, controle da inoculação e, quando possível, genótipos replicáveis podem favorecer a formação de *bulks* mais consistentes. Assim, a expansão do QTL-seq para resistências virais potencialmente complexas depende também da qualidade do contraste fenotípico estabelecido antes do sequenciamento.

Conclusão

O QTL-seq apresentou resultados coerentes com a arquitetura sugerida em resistências de herança simples e também foi aplicado a caracteres potencialmente mais complexos, nos quais pode favorecer a identificação de componentes de maior efeito. Nesses casos, a definição confiável dos extremos

torna-se especialmente importante. Estratégias que aumentem a precisão fenotípica podem favorecer a formação de *bulks* mais representativos e ampliar a aplicação do QTL-seq no mapeamento da resistência a fitovírus.

Referências

BRUENING, G. Resistance to infection. In: LOEBENSTEIN, G.; CARR, J. P. (ed.). ***Natural resistance mechanisms of plants to viruses***. Dordrecht: Springer, 2006. Disponível em: 10.1007/1-4020-3780-5_10. Acesso em: 08 set. 2026.

CAI, L.; LIU, J.; WANG, S.; GONG, Z.; YANG, S.; XU, F.; HU, Z.; ZHANG, M.; YANG, J. The coiled-coil protein gene WPRb confers recessive resistance to Cucumber green mottle mosaic virus. ***Plant Physiology***, v. 191, n. 1, p. 369-381, 2023. Disponível em: https://doi.org/10.1093/plphys/kiac466. Acesso em: 05 set. 2026.

CHIDAMBARA, B.; ELANGOVAN, D.; SADASHIVA, A. T.; RAMESH, S.; REDDY, M. K.; PRASAD, M.; PRASANNA, H. C.; RAVISHANKAR, K. V. Identification and validation of QTLs associated with resistance to tomato leaf curl Bangalore virus disease using QTL-seq analysis in tomato (*Solanum* spp.). ***Molecular Biology Reports***, v. 53, n. 1, art. 187, 2026. Disponível em: https://doi.org/10.1007/s11033-025-11355-9. Acesso em: 05 set. 2026.

DHALIWAL, S. K.; GILL, R. K.; SHARMA, A.; KAUR, A.; BHATIA, D.; KAUR, S. A large-effect QTL introgressed from ricebean imparts resistance to Mungbean yellow mosaic India virus in blackgram (*Vigna mungo* (L.) Hepper). ***Theoretical and Applied Genetics***, v. 135, n. 12, p. 4495-4506, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.1007/s00122-022-04234-5. Acesso em: 05 set. 2026.

GAO, W.; WANG, Z.; DONG, C.; WEI, K.; CHEN, Y.; QIU, Z.; LIU, Z.; LI, X.; LIU, L.; DU, Y.; HUANG, Z.; LI, J.; WANG, X. Screening for resistant germplasms and quantitative trait locus mapping of resistance to Tomato chlorosis virus. ***International Journal of Molecular Sciences***, v. 26, n. 5, art. 2060, 2025. Disponível em: https://doi.org/10.3390/ijms26052060. Acesso em: 05 set. 2026.

GHOSHAL, C.; TASLEEM, M.; SEVANTHI, A. M.; BEHERA, T. K.; KUMAR, S.; SINGH, A. K.; GHOSH, A.; CHOUDHARY, H.; PANDEY, S.; KARMAKAR, P.; SAGAR, V.; RAJASREE, V.; DEY, S. S. QTL-seq reveals Cy-2 as a major locus on chromosome 7 and associated candidate genes conferring resistance to ToLCNDV in cucumber. ***Genomics***, v. 118, n. 4, art. 111264, 2026. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2026.111264. Acesso em: 04 set. 2026.

LI, Z.; XU, Y. Bulk segregation analysis in the NGS era: a review of its teenage years. ***The Plant Journal***, v. 109, n. 6, p. 1355-1374, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.1111/tpj.15646. Acesso em: 05 set. 2026.

LU, X.; LI, Z.; HUANG, W.; WANG, S.; ZHANG, S.; LI, F.; ZHANG, S. Mapping and identification of a new potential dominant resistance gene to turnip mosaic virus in *Brassica rapa*. ***Planta*****,** v. 256, n. 4, art. 66, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.1007/s00425-022-03981-5. Acesso em: 05 set. 2026

MAGWENE, P. M.; WILLIS, J. H.; KELLY, J. K. The statistics of bulk segregant analysis using next generation sequencing. ***PLoS Computational Biology***, v. 7, n. 11, e1002255, 2011. Disponível em: https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1002255. Acesso em: 04 set. 2026.

MAJUMDAR, A.; SHARMA, A.; BELLUDI, R. Natural and engineered resistance mechanisms in plants against phytoviruses. ***Pathogens***, v. 12, n. 4, art. 619, 2023. Disponível em: https://doi.org/10.3390/pathogens12040619. Acesso em: 04 set. 2025.

MICHELMORE, R. W.; PARAN, I.; KESSELI, R. V. Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. ***Proceedings of the National Academy of Sciences of the United***

States of America, v. 88, n. 21, p. 9828-9832, 1991. Disponível em: https://doi.org/10.1073/pnas.88.21.9828. Acesso em: 05 set. 2026.

PALUKAITIS, P.; CARR, J. P. Plant resistance responses to viruses. ***Journal of Plant Pathology***, v. 90, n. 2, p. 153-171, 2008. Disponível em: https://www.jstor.org/stable/41998492. Acesso em: 05 set. 2026.

QI, S.; MENG, L. Z.; LOU, Q.; LI, Y.; SHEN, Y.; ZHANG, S.; WANG, X.; ZHAO, P.; WANG, J.; WANG, B.; CHEN, X.; ZHANG, C.; DU, Y.; ZHAO, J.; ZHAN, X.; LIANG, Y. Association of the tomato co-chaperone gene *SlDnaJ* harboring a promoter deletion with susceptibility to Tomato spotted wilt virus (TSWV). ***Horticulture Research***, v. 12, uhaf019, 2025. Disponível em: https://doi.org/10.1093/hr/uhaf019. Acesso em: 04 set. 2026.

RANGARI, S. K.; DUBE, N.; SHARMA, V.; GANGURDE, S. S.; SHARMA, M.; GANGASHETTY, P. I.; SAXENA, R. K.; MOGHIYA, A.; SHARMA, V. K.; BHUTIA, K. L.; KANT, R.; THUDI, M.; NAIK, S. J. S.; PRATAP, A.; DIXIT, G. P.; MAYES, S.; PANDEY, M. K. InDels in an intronic region of gene Ccsmd04 coding for dormancy/auxin-associated protein control sterility mosaic disease resistance in pigeonpea. ***International Journal of Biological Macromolecules***, v. 321, pt. 3, art. 145777, 2025. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2025.145777. Acesso em: 05 set. 2026.

SHRESTHA, S.; FU, Y.; MICHAEL, V. N.; MERU, G. Whole genome re-sequencing and bulk segregant analysis reveals chromosomal location for Papaya ringspot virus W resistance in squash. ***Frontiers in Plant Science***, v. 13, art. 848631, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.3389/fpls.2022.848631. Acesso em: 05 set. 2026.

TAKAGI, H.; ABE, A.; YOSHIDA, K.; KOSUGI, S.; NATSUME, S.; MITSUOKA, C.; UEMURA, A.; UTSUSHI, H.; TAMIRU, M.; TAKUNO, S.; INNAN, H.; CANO, L. M.; KAMOUN, S.; TERAUCHI, R. QTL-seq: rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations. ***The Plant Journal***, v. 74, n. 1, p. 174-183, 2013. Disponível em: https://doi.org/10.1111/tpj.12105. Acesso em: 04 set. 2026.

TANG, X.; JIN, G.; CHEN, H.; CAI, Z.; LAI, Z.; WEI, Q.; YANG, S. Rapid identification of soybean SC15 resistance locus to Soybean mosaic virus by BSA-seq. ***Plant Molecular Biology Reporter***, v. 43, n. 2, p. 870-881, 2025. Disponível em: https://doi.org/10.1007/s11105-024-01517-7. Acesso em: 05 de set. 2026.

TIMMARAO, K. S.; PONNAM, N.; LAKSHMANAREDDY, D. C.; REDDY, M. K.; VENKATARAVANAPPA, V.; ROSHINI, P.; SHAIK, M.; MANOJ, B. P.; REDDY, K. M. Molecular mapping and development of SSR markers associated with Chilli leaf curl virus resistance in chilli (*Capsicum annuum* L.). ***Genomics***, v. 117, n. 2, art. 111015, 2025. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2025.111015. Acesso em: 04 set. 2026.

ZHANG, Y.; SONG, J.; WANG, L.; YANG, M.; HU, K.; LI, W.; SUN, X.; XUE, H.; DONG, Q.; ZHANG, M.; LOU, S.; YANG, X.; DU, H.; LI, Y.; DONG, L.; CHE, Z.; CHENG, Q. Identifying quantitative trait loci and candidate genes conferring resistance to Soybean mosaic virus SC7 by quantitative trait loci-sequencing in soybean. ***Frontiers in Plant Science***, v. 13, art. 843633, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.3389/fpls.2022.843633. Acesso em: 04 set. 2026.

ZOU, C.; WANG, P.; XU, Y. Bulked sample analysis in genetics, genomics and crop improvement. ***Plant Biotechnology Journal***, v. 14, n. 10, p. 1941-1955, 2016. Disponível em: https://doi.org/10.1111/pbi.12559. Acesso em: 05 set. 2026.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão das bolsas.