

Uso da técnica TRAP (*Target Region Amplification Polymorphism*) para análises genéticas em mandioca

Luziane Brandão Alves¹; Cátia Dias do Carmo²; Eder Jorge de Oliveira³

¹Estudante de Biologia na Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Mestranda em Recursos Genéticos UFRB/Embrapa Mandioca e Fruticultura; ³Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Email: eder.oliveira@embrapa.br

O melhoramento genético integrado às técnicas da biotecnologia contribui principalmente para o aumento da produtividade das culturas comerciais, em sua adaptação aos variados ambientes e resistência a patógenos. A utilização de marcadores moleculares aos programas de melhoramento genético possibilita identificar características de interesse com precisão na análise do genótipo. Marcadores TRAP (*Target Region Amplification Polymorphism*) utilizam ferramentas da bioinformática e sequências expressas em bancos de dados para gerar marcadores polimórficos relacionados a sequências alvo em genes candidatos. Assim, este estudo tem como objetivo principal utilizar a técnica TRAP na cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) para uso na detecção e associação de polimorfismos a fenótipos específicos. Foram desenhados 99 iniciadores fixos a partir de sequências alvo depositadas na plataforma NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) e quatro iniciadores arbitrários com sequências aleatórias, formando 396 combinações entre si. Para a otimização e seleção das combinações, foram extraídos o DNA genômico de quatro acessos do BAG-Mandioca e realizadas reações do tipo PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Os fragmentos foram separados em gel de agarose 3,0% e as bandas identificadas através de uma comparação visual em código binário - (1 presença e 0 ausência). As combinações mais polimórficas (86 combinações) foram utilizadas para analisar a estrutura genética de 46 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca (BAG-Mandioca). Das 86 combinações 69 apresentaram menos de 10% de dados perdidos, e por isso foram submetidas à avaliação do percentual de polimorfismo, poder de resolução do marcador e o conteúdo de informação polimórfica (PIC). Foram identificados 606 alelos (variação de 3 a 18, com média de 8,8 alelos por combinação). O PIC variou de 0,03 a 0,38 (média de 0,23), embora 31 combinações apresentaram PIC > 0,25. O parâmetro Rp variou de 0,10 a 6,30 (média de 3,21). Observou-se que os iniciadores relacionados à biossíntese de amido, carotenoides, compostos cianogênicos, deterioração fisiológica pós-colheita, formação de raízes tuberosas e respostas de defesa foram os mais polimórficos (>70% de fragmentos polimórficos, PIC > 0,25 e Rp > 3,21). O polimorfismo dos marcadores TRAP geralmente associados a genes de rotas metabólicas específicas, poderão ser utilizados para direcionamento de cruzamentos e mapeamento associativo em mandioca.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz; melhoramento genético; marcadores moleculares; DNA