

Organização da diversidade de acessos de mandioca com alta similaridade genética com base em marcadores SNPs e microssatélites

Dalma Brito Santos¹; Eder Jorge de Oliveira²

¹Estudante de Bacharelado em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: dalmabsantos@gmail.com; eder.oliveira@embrapa.br

O fato de a mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) ser uma planta nativa do Brasil e a ampla gama de locais de cultivo no país amplificam a diversidade fenotípica observada nos acessos de germoplasma desta espécie. Por outro lado, muitos nomes são dados a um mesmo genótipo e ao mesmo tempo diferentes acessos possuem um mesmo nome. Tudo isso faz com que alguns acessos armazenados em bancos de germoplasma sejam cópias. O objetivo deste trabalho foi organizar a diversidade de acessos de mandioca com base em 402 marcadores moleculares do tipo SNP (*Single-Nucleotide Polymorphism*) e 19 microssatélites distribuídos em 10 grupos de ligação do mapa genético de *M. esculenta*. Foram analisados 478 acessos, previamente identificados com alto grau de similaridade genética. O programa *Structure* v.2.3.2. foi utilizado para gerar o modelo e separação de grupos (*clusters*) e atribuir indivíduos a um número *K* de *clusters* com base na estimativa Bayesiana. Foram identificados 32 grupos (*K*=32) com ancestralia maior que 50% nos acessos que o compõe. Estes grupos foram formados por 3 a 38 acessos de germoplasma, com coeficiente de ancestralia de 0,64 (grupo 23) a 0,99 (grupos 2, 7, 16, 17, 18, 19, 20, 27 e 29). Observou-se que a maioria dos grupos (60%) possuem ancestralia média acima de 0,90, o que demonstra grande similaridade genética entre os acessos pertencentes a estes grupos. Além disso, 91 acessos com ancestralia abaixo de 0,50 formaram um 33º grupo. Neste caso, a ancestralia média do grupo 33 foi de 0,39 com variação de 0,19 a 0,49. Isto reflete o alto grau de divergência destes acessos em relação aos demais, o que certamente será levado em consideração no momento do descarte dos acessos. O próximo passo deste trabalho será a associação dos dados fenotípicos e moleculares para auxiliar na identificação precisa de acessos duplicados.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz; SSR; SNP; recursos genéticos; duplicatas.
