



I CONGRESSO REGIONAL DE PESQUISA DO ESTADO DO ACRE
XXIV SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFAC
CNPQ | UFAC | EMBRAPA | FAPAC | IEVAL

CERTIFICAÇÃO GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA PARA INDICAÇÃO GEOGRÁFICA

Tatiana de Campos (pesquisadora da Embrapa), Renata Beltrão Teixeira Yomura (analista - Embrapa), Hellen Sandra Freires da Silva Azêvedo (doutoranda Rede BIONORTE), Jonatas Chagas de Oliveira (mestrando CITA-UFAC), Adna Cristina Barbosa de Sousa (Docente- UFPB), Patricia Silva Flores (Pesquisadora - Embrapa)

A mandioca desempenha importante papel econômico e social para o Estado do Acre. A farinha mais procurada pelos consumidores, por sua melhor qualidade, é a “Farinha de Cruzeiro do Sul”. A qualidade de uma farinha não depende só das regiões onde a mandioca é cultivada, mas principalmente dos genótipos utilizados. No Vale do Juruá, Acre, os genótipos utilizados para produção de farinha foram provenientes do processo de seleção feito informalmente pelos agricultores, sem padronização da nomenclatura. Dessa forma, destaca-se a importância da caracterização morfológica e molecular dessas cultivares, buscando determinar a variabilidade genética e a identificação de redundâncias. O objetivo do trabalho foi identificar, por meio de marcadores microssatélites, as etnovariiedades de mandioca utilizadas na regional Juruá (AC). Amostras de folhas de 15 genótipos foram coletadas. O DNA extraído foi quantificado em agarose (1%). As reações de amplificação foram feitas com cinco locos microssatélites. Os produtos de amplificação foram visualizados em agarose (3%) e aplicados em gel de poliácridamida desnaturante (6%) corado com nitrato de prata. As estimativas de heterozigosidade esperada (HE) e observada (HO), distâncias genéticas e agrupamento UPGMA foram analisados no software TFGA. Os cinco locos microssatélites avaliados foram polimórficos e amplificaram 16 alelos com uma média de 3,2 alelos por loco. Os valores HE foram moderadamente altos para a maioria dos locos, e variaram de 0,24 (GA12) a 0,73 (GA126), com um valor médio de 0,486. Os valores de HO variaram de 0,13 (GA12) a 0,87 (GA57), com média de 0,480. Os valores de PIC variaram de 0,23 (GA12) a 0,70 (GA126), com um valor médio de 0,46. Com base na distância Modificada de Rogers, os genótipos foram agrupados pelo método UPGMA. Realizou-se um corte considerando uma distância genética de 0,85. Verificou-se a formação de três grupos. O primeiro grupo foi formado por oito genótipos, sendo que os materiais (CA13- Chico Anjo/MB 14 Mansa Brava/ CT12- Curumiem Torcida/ CB4- Curumiem Branca) e os genótipos (M5 – Milagrosa e o SM11-Santa Maria) foram redundantes. No segundo e terceiro grupo foram alocados quatro e três genótipos, respectivamente. Vale salientar que os acessos redundantes (CA 13 - Chico Anjo; MB 14 - Mansa Brava) são provenientes da mesma propriedade. Embora, os demais acessos não tenham sido coletados na mesma localidade, esta redundância pode ser explicada pela variação de nomes dados pelos agricultores para os mesmos genótipos. Dessa forma, os marcadores utilizados foram eficientes para avaliar os genótipos coletados nas propriedades produtoras de mandioca para produção de farinha.

Palavras-chaves: *Fingerprint*. Marcadores moleculares. Diversidade.

