

Identificação molecular de duplicatas de acessos de mandioca com uso de marcadores SNP pertencentes ao cromossomo 1

Luziane Brandão Alves¹, Hilçana Ylka Gonçalves de Albuquerque¹, Cátia Dias do Carmo¹, Ana Carla Brito², Eder Jorge de Oliveira³

¹UFRB - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, luzianebalves@hotmail.com; hilsana_goncalves@hotmail.com; catiadiasdocarmo@gmail.com; ²CNPq/FAPESB, Cruz das Almas, acbcarla3@gmail.com; ³Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, eder.oliveira@embrapa.br

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma espécie cultivada em todos os trópicos, com ampla adaptação a diversas condições edafoclimáticas. É uma das principais fontes de carboidratos, tanto para uso alimentar quanto industrial. A conservação dos recursos genéticos de mandioca tem sido feita, em sua maioria, de forma *ex situ* em Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) que visam conservar a variabilidade genética e, conseqüentemente, alelos que sejam promissores para programas de melhoramento genético. Contudo, as atividades de coleta e enriquecimento destas coleções tendem a introduzir duplicações de acessos, sobretudo quando são dados diferentes nomes ao mesmo material genético. Por outro lado, também é comum ter acessos com o mesmo nome, mas que se tratam de genótipos completamente diferentes. A manutenção destes acessos duplicadas no BAG resulta em elevados custos, além de ser fator limitante na introdução de novos acessos. Por outro lado, a identificação de acessos duplicados com uso de ferramentas moleculares é uma estratégia bastante eficaz em comparação com a análise fenotípica. Dentre os diversos marcadores moleculares, os marcadores *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) tem vantagens bastante interessantes, sobretudo por permitirem a automação do processo de genotipagem, além da cobertura de todo o genoma. O objetivo deste trabalho foi identificar duplicatas de acessos de mandioca com base em informações moleculares de marcadores SNPs no BAG-Mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Para tanto, foram selecionados 808 acessos a partir de uma primeira análise de identificação de duplicatas realizada com 1277 acessos da cultura por meio de um conjunto de 372 marcadores SNPs. Em seguida todos estes acessos foram genotipados por GBS (*Genotyping by sequencing*). Os dados da GBS foram filtrados no software Tassel versão 5.2.28 para menor frequência alélica – MAF >0,01, seguida da remoção de *loci* com mais de 20% de dados perdidos. A caracterização de duplicatas com um conjunto de 2373 SNPs pertencentes ao cromossomo 1 da mandioca foi realizada com uso do pacote *strataG* do programa R versão 3.3.1, considerando mínimo de 95% de compartilhamento alélico para determinação das duplicatas. Como resultado, cerca de 12% dos acessos de mandioca avaliados foram considerados duplicatas, sendo classificados em 31 grupos distintos. Estes são resultados preliminares que deverão ser complementados com a análise de todos os cromossomos da mandioca.

Significado e impacto do trabalho: Quando os SNPs de todos os cromossomos estiverem disponíveis para análise, este estudo possibilitará a eliminação das duplicatas de acessos no BAG-Mandioca com alta confiabilidade, fazendo com que os esforços de caracterização e avaliação deste germoplasma sejam voltados apenas para os acessos mais relevantes. Também se vislumbra como resultado impactante deste trabalho o mapeamento da máxima variabilidade dos acessos de mandioca para fins de priorização da conservação.