

## Seleção assistida por marcadores moleculares para obtenção de indivíduos endogâmicos em populações segregantes de mandioca.

Ana Claudia Oliveira Barbosa<sup>1</sup>; Paulo Henrique Gomes Alves de Oliveira<sup>2</sup>; Cátia Dias do Carmo<sup>3</sup>; Iane dos Santos Queiroz<sup>4</sup>; Eder Jorge de Oliveira<sup>5</sup>; Cláudia Fortes Ferreira<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Estudante de Licenciatura em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, [aina-cob2@hotmail.com](mailto:aina-cob2@hotmail.com);

<sup>2</sup>Mestrando em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, [paulohenrique1520@hotmail.com](mailto:paulohenrique1520@hotmail.com); <sup>3</sup>Doutoranda em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, [catiadiasdocarmo@gmail.com](mailto:catiadiasdocarmo@gmail.com); <sup>4</sup>Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, [q.iane@hotmail.com](mailto:q.iane@hotmail.com); <sup>5</sup>Pesquisador(a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura, [eder.oliveira@embrapa.br](mailto:eder.oliveira@embrapa.br); [claudia.ferreira@embrapa.br](mailto:claudia.ferreira@embrapa.br);

A seleção assistida por marcador (SAM) é um método de seleção de genótipos desejáveis com base em informações de marcadores moleculares de DNA, e tem como base o padrão molecular (genótipo) dos indivíduos, ao invés de considerar apenas as características observáveis (fenótipo). A seleção pode ser realizada em materiais na fase de plântulas, antes mesmo da floração, o que é particularmente útil no planejamento de cruzamentos apropriados entre os indivíduos selecionados. Portanto, este trabalho objetivou identificar, por meio de seleção assistida por marcadores moleculares (microsatélites e minissatélites), o nível de endogamia em três progênies  $S_1$  autofecundadas de mandioca. Para tanto, foram analisados 235 indivíduos provenientes de três famílias (F1662, F1378, F222)  $S_1$  autofecundadas, utilizando-se 27 iniciadores microsatélites e cinco iniciadores minissatélites para se avaliar o nível de endogamia com base em  $f \geq 0,5$ , sendo selecionados 18 iniciadores para as progênies F1662 e F222 e 16 iniciadores para a progênie F1378. As análises moleculares dos dados foram realizadas com o auxílio do software Powermarker 3.25 para determinar a heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e coeficiente de endogamia ( $f$ ), em todos os indivíduos  $S_1$  das três progênies de mandioca. Com as estimativas dos coeficientes de endogamia e heterozigosidade observada, foram construídos histogramas, em que as análises foram realizadas por meio do software R. A distribuição dos indivíduos  $S_1$  de acordo com o coeficiente de endogamia ( $f$ ) foi semelhante entre as três progênies analisadas. Observou-se maior proporção de indivíduos com estimativas do  $f$  nas classes de 0.4 a 0.6, representando 50%, 56% e 41% do total de indivíduos nas progênies F222, F1378 e F1662, respectivamente. As variações da distribuição dos indivíduos  $S_1$  nas classes de 0.6 a 1.0, que consiste em indivíduos com endogamia elevada foi de 25% (F222), 21% (F1378) e 27% (F1662). Já quando se observa a distribuição de indivíduos com estimativa de  $f$  acima de 0.8, verifica-se que 1.25% dos indivíduos foram agrupados nessa classe para as progênies F222 e F1378, não sendo observados indivíduos para essa classe para a progênie F1662. A heterozigosidade observada ( $H_o$ ) dos indivíduos  $S_1$  para as três progênies apresentou bastante semelhança com coeficiente de endogamia, visto que houve maior concentração de indivíduos nas classes de 0.4 a 0.6 correspondendo a 50%, 45% e 41% do total de indivíduos nas progênies F222, F1378 e F1662, respectivamente. A distribuição de indivíduos com elevada  $H_o$  ( $> 0,60$ ), variou em 24% (F222), 32% (F1378) e 31% (F1662). De acordo com os resultados das análises moleculares, os indivíduos com maior coeficiente de endogamia dentro de cada progênie ( $f \geq 0,60$ ) foram selecionados para os próximos ciclos de autofecundação, sendo possível selecionar em média 20 indivíduos  $S_1$  de cada progênie. A SAM foi eficiente na identificação e seleção de indivíduos  $S_1$  de mandioca com maior endogamia, contribuindo para a redução nos ciclos de melhoramento para obtenção de linhagens endogâmicas.

**Significado e impacto do trabalho:** O uso de seleção assistida por marcadores moleculares permitirá uma economia de tempo, de recursos humanos e uma consequente redução no número de ciclos de autofecundações para gerar populações  $S_n$ , com locos fixados.