

Identificação de duplicatas de acessos de Mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) com uso de dados morfológicos

Jocilene dos Santos Pereira¹; Eder Jorge de Oliveira²; Cátia Dias do Carmo³; Luana Ferreira dos Santos⁴, Hilçana Gonçalves de Albuquerque⁵, Maria Selma Alves Silva Diamantino⁶

¹Estudante de Biologia Bacharelado da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, jocilenepereira@outlook.com.br;

²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, eder.oliveira@embrapa, ³Estudante de Doutorado em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, catiadiasdocarmo@gmail.com; ⁴Estudante de Licenciatura em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, luannaoliveirabiologia@gmail.com; ⁵Estudante de Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, hilsana_goncalves@hotmail.com; ⁶Pós-Doutorado Capes-Embrapa Mandioca e Fruticultura, mariaselmasd@hotmail.com.

Diversos acessos da cultura da mandioca são mantidos em Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) visando conservar a diversidade da espécie e preservar sua variabilidade. No entanto, as atividades de prospecção e coleta de genótipos em diversas regiões podem fazer com que acessos idênticos sejam incorporados e conservados nos BAGs. A presença destes acessos aumenta os custos de manutenção dos bancos, além de ser fator limitante na introdução de novos acessos e no seu uso efetivo no melhoramento vegetal. O objetivo deste trabalho foi utilizar descritores morfológicos da parte aérea para confirmar a presença de duplicatas de acessos no BAG-Mandioca. Dados de genotipagem de mais de 20 mil SNPs (gerados por genotipagem por sequenciamento) foram obtidos em 1.553 acessos de mandioca. Inicialmente a identificação de acessos duplicados de mandioca foi realizada apenas com base nos SNPs, utilizando a função *mlg.filter* do pacote *poppr*, no ambiente de programação R, na qual foram identificados 363 acessos duplicados distribuídos em 106 grupos multilocos (MLG). Entretanto, a decisão final sobre a manutenção ou descarte dos acessos de mandioca deve ser realizada com base em outros parâmetros e descritores além dos marcadores moleculares. Assim, a caracterização morfológica dos acessos considerados duplicados com base nos SNPs foi realizada utilizando dezenove descritores da parte aérea. As avaliações ocorreram aos seis meses após o plantio. Dentre os 106 MLGs, 23 grupos apresentaram mais de 70% das características morfológicas comuns aos acessos dentro dos grupos. Por outro lado, acessos pertencentes a outros 10 MLGs apresentaram mais de 70% de discrepância para os descritores da parte aérea. Outros 28 MLGs apresentaram dados morfológicos incompletos, pelo fato de muitos acessos estarem conservados apenas *in vitro*. Nenhum dos grupos formados pelos dados moleculares apresentou 100% de correspondência para os descritores morfológicos da parte aérea. Possivelmente isso ocorreu porque muitas características morfológicas são de difícil distinção e devem ser avaliadas com cautela para o reconhecimento de acessos duplicados, sobretudo aquelas relacionadas à coloração de alguns tecidos vegetais, tais como cor externa de caule, cor de pecíolo, cor de folhas apicais e cor de ramos terminais. Estas características possuem várias classes e em algumas situações pode haver variações ambientais que influenciam estes caracteres. Novas caracterizações com base em descritores de raízes e parte aérea serão realizadas para confirmação das duplicatas de acessos no BAG-Mandioca, embora outros aspectos devam ser levados em consideração neste tipo de trabalho, a exemplo da possibilidade de ocorrência de mutações somáticas ao longo do processo de propagação da espécie. Estas mutações podem fazer com que diferentes acessos tenham perfis moleculares semelhantes, mas possuam alguma característica fenotípica distinta, a exemplo do que ocorre em diversas outras espécies de propagação clonal.

Significado e impacto do trabalho: A presença de acessos duplicados no germoplasma de mandioca contribui para o aumento dos custos de manutenção e uso destes recursos genéticos. A caracterização morfológica aliada à caracterização molecular permite a distinção de duplicatas garantindo maior segurança na tomada de decisão final sobre a manutenção das duplicatas, e ainda permite gerar subsídios para a geração de coleções de trabalho com ampla variabilidade genética.