

# ESTRUTURA POPULACIONAL DE ETNOVARIEDADES DE MANDIOCA, CULTIVADAS NO MUNICÍPIO DE ALTA FLORESTA, MT, BRASIL

Auana Vicente Tiago<sup>1\*</sup>; Eliane Cristina Moreno de Pedri<sup>1</sup>; Elisa dos Santos Cardoso<sup>1</sup>; Poliana Vicente Tiago<sup>1</sup>; Adriano Aynes Carpejani<sup>1</sup>; Eulália Soler Sobreira Hoogerheide<sup>2</sup>; Ana Aparecida Bandini Rossi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade do Estado de Mato Grosso–UNEMAT. Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias. Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular, Alta Floresta, MT, Brasil.

<sup>2</sup>Pesquisadora da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT, Brasil. \*E-mail do autor para correspondência: auanavt@gmail.com.

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) desempenha papel considerável como cultura alimentar. No Brasil é cultivada principalmente por agricultores de baixa renda, condição que garante a diversidade genética a essa cultura. O objetivo deste trabalho foi avaliar a estrutura populacional de 17 etnovariedades de mandioca cultivada no norte do estado de Mato Grosso, por meio de marcadores ISSR. Foram selecionados e amostrados 17 etnovariedades de mandioca em propriedades rurais pertencentes ao município de Alta Floresta, MT, no ano de 2015. Folhas jovens dos indivíduos foram coletadas após 4 meses de plantio. O DNA foi extraído de aproximadamente 100 mg de tecido foliar com base no protocolo de CTAB. Os fragmentos de ISSR foram analisados como caracteres binários, presença (1) e ausência (0) de bandas. Os quinze *primers* selecionados produziram um total 120 locos ISSR. A análise da estrutura populacional das 17 etnovariedades de mandioca, pelo Structure, revelou a formação de dois grupos distintos de acordo com Delta K (AF1 e AF2). O grupo AF1 constituiu-se de 12 indivíduos e o grupo AF2 por 5 indivíduos. A análise de agrupamento UPGMA separou os genótipos em três grupos, sendo o grupo I composto de dois genótipos e o grupo II com apenas um genótipo. O último grupo alocou quatorze genótipos, entre estes se encontra nove genótipos do grupo AF1 resultante do Structure, subdividindo-se em quatro subgrupos. Os valores para os índices de diversidade de Nei e Índice de Shannon foram maiores para o grupo AF1 (0.2030 e 0.3094, respectivamente). A análise de variância molecular (AMOVA) indicou que 14,00% da variância total está entre os grupos e 86,00% dentro dos grupos, revelando que a maior diferenciação genética está ocorrendo de forma intrapopulacional. Os métodos utilizados foram eficientes em separar as etnovariedades em grupos distintos, indicando diversidade entre as amostras avaliadas. Os genótipos mais divergentes geneticamente foram 15, 16 e 17. Portanto as mandiocas analisadas, proveniente do uso dos agricultores revelam que as etnovariedades mantidas *on farm* apresentam um importante recurso genético, que deve ser preservado e conservado, pois poderão ser utilizados em programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Manihot esculenta*; Melhoramento Genético; Marcadores Moleculares

**Agradecimentos:** FAPEMAT/CAPES; UNEMAT.