

Seleção assistida por marcadores moleculares para resistência ao *Cassava mosaic disease* (CMD) via *Kompetitive allele specific PCR* (KASP)

Jocilene dos Santos Pereira¹; Eder Jorge de Oliveira²; Cátia Dias do Carmo³; Bruna Vieira do Nascimento⁴
 Maria Selma Alves Silva Diamantino⁵

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

²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, eder.oliveira@embrapa.br;

³Estudante de Doutorado em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, catiadiasdocarmo@gmail.com;

⁴Estudante de Biologia Bacharelado da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, brunaleite08@hotmail.com;

⁵Pós-Doutorado da Embrapa Mandioca e Fruticultura, mariaselmasd@hotmail.com

Ao mesmo tempo em que a mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é considerada um alimento de subsistência em diversas regiões do mundo, suas aplicações industriais têm crescido em função das melhores características de amido em comparação com alguns cereais. Contudo, existem diversos fatores determinantes da produção dessa cultura, sobretudo aqueles associados à ocorrência de doenças, como o *African cassava mosaic disease* (CMD) que tem causado grandes prejuízos nos países africanos e asiáticos, onde a doença é endêmica. O CMD ainda não foi relatado nas Américas, entretanto as atividades de prospecção, coleta e intercâmbio de genótipos em diversas regiões pode favorecer a introdução do vírus nos países da América, inclusive no Brasil. Por ser uma doença quarentenária, existem limitações para *screening* do germoplasma brasileiro para descoberta de fontes de resistência. Contudo, a seleção assistida por marcadores moleculares possibilita o *screening* inicial das prováveis fontes de resistência, na ausência do patógeno. Recentemente, análises de associação genômica ampla (GWAS) conduzidas na África, identificaram SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) relacionados à resistência ao CMD. Estes SNPs foram utilizados para elaboração de *chips* de genotipagem, via KASP (*Kompetitive Allele Specific PCR*) no âmbito do projeto NextGen. Portanto, o objetivo do trabalho foi identificar fontes de resistência ao CMD no germoplasma de mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura via genotipagem KASP, além de planejar cruzamentos com variedades melhoradas do Brasil para simultaneamente introduzir alelos de resistência e maximizar os efeitos heteróticos nas progêneses. Foram coletadas 1.786 amostras de folhas de mandioca, organizadas em placas de poços profundos e enviadas a empresa Intertek AgriTech (Suécia), para extração de DNA e genotipagem. O *screening* foi realizado com quatro SNPs associados à resistência ao CMD via KASP. A partir dos dados da genotipagem foi aplicado um índice de seleção, atribuindo valores para os genótipos de acordo com a presença e ausência de alelos resistentes para cada SNP. Dessa forma, foi possível observar a quantidade de acessos que apresentam alelos resistentes para ao CMD e assim estabelecer um valor para seleção. Em seguida foi estimado o parentesco genômico entre as fontes de resistência ao CMD e 20 variedades elite de mandioca, com base na matriz de parentesco obtida pela análise de 17.910 SNPs oriundos de genotipagem por sequenciamento (GBS). A partir desses dados, foram planejados os cruzamentos entre parentais com os alelos de resistência ao CMD e variedades elite de mandioca. De acordo com os dados da genotipagem KASP foi encontrado grande número de acessos heterozigóticos para os alelos CMD de interesse. A partir do ranqueamento dos acessos com base no índice de seleção, os cinco acessos com os alelos de resistência ao CMD no estado homozigótico para a maioria dos quatro SNPs foram BGM-0144, BGM-0425, BGM-1167, 2014-009-11 e 2014-019-06. Destes, apenas o BGM-0144 foi homozigótico para os quatro SNPs analisados. Em relação ao planejamento dos cruzamentos, as duas combinações mais contrastantes para cruzamento com o BGM-0144 foram: Baianinha e Fécula Branca. Por outro lado, para as fontes de resistência BGM-0425, BGM-1167 e 2014-019-06 o menor parentesco (maior possibilidade de heterose) foram identificados nas variedades Cascuda e Olho Junto, enquanto que para a fonte de resistência 2014-009-11 as combinações mais contrastantes foram para as variedades Cascuda e Mani Branca. Os resultados indicam a presença de fontes de resistência ao CMD no germoplasma do Brasil, que podem ser utilizadas visando o desenvolvimento de cultivares de mandioca com alto potencial produtivo e resistentes ao CMD.

Significado e impacto do trabalho: O melhoramento preventivo para resistência a doenças quarentenárias é fundamental para que o Brasil esteja preparado para uma eventual chegada do CMD. Portanto, o uso da seleção assistida via KASP permitiu a identificação de possíveis fontes de resistência ao CMD na América Latina. Os próximos passos deste trabalho serão a validação destas fontes de resistência no continente africano e início de cruzamentos para introdução dos alelos de resistência ao CMD nas variedades de mandioca mais cultivadas no país.