

Obtenção de linhagens de mandioca via seleção assistida por marcadores moleculares microssatélites

Bruna Leite Vieira do Nascimento¹; Rosa Karla Nogueira Pestana²; Jocilene dos Santos Pereira³; Cátia Dias do Carmo⁴; Eder Jorge de Oliveira⁵

¹Estudante do Bacharelado em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, brunaleite08@hotmail.com;

²Pós-doutoranda da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia/Embrapa Mandioca e Fruticultura, karlapestana6@yahoo.com.br;

³Estudante do Bacharelado em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, jocilenepereira@outlook.com.br;

⁴Doutoranda em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, catiadiasdocarmo@gmail.com;

⁵Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, eder.oliveira@embrapa.br

A obtenção de linhagens endogâmicas de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) tem sido alvo de pesquisa em diversos programas de melhoramento em nível internacional, com objetivo de identificar alelos recessivos úteis para o melhoramento genético, bem como para exploração dos efeitos heteróticos e obtenção de maior previsibilidade dos cruzamentos. Portanto, a exemplo do milho na década de 30, o uso de linhagens endogâmicas de mandioca pode melhorar a eficiência dos métodos de melhoramento utilizados na cultura, além de permitir aumento dos ganhos genéticos. A forma convencional de obtenção de linhagens de mandioca é o uso de sucessivas gerações de autofecundação até atingimento de alto nível de homozigose, geralmente após 8-10 gerações. Contudo, atualmente com o avanço das análises genéticas em nível de DNA, tem sido possível a identificação do nível de endogamia dos indivíduos a cada geração de autofecundação. Com isso, é possível selecionar e autofecundar apenas os indivíduos mais homozigóticos a cada geração, tendo como resultado um rápido aumento da homozigosidade em pelo menos metade do tempo utilizado convencionalmente. O objetivo deste trabalho foi utilizar a seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) com o uso de microssatélites para seleção de indivíduos S_1 e S_2 com maior homozigosidade para redução do tempo de obtenção de linhagens endogâmicas de mandioca. Inicialmente foi estabelecido um sistema multiplex com diferentes marcadores microssatélites com tamanhos contrastes de alelos para otimização da genotipagem de cinco populações autofecundadas (S_1 e S_2). Os parentais das progênies S_1 e S_2 foram genotipados com 88 iniciadores microssatélites organizados em 62 combinações duplex para identificação dos locos heterozigóticos que pudessem ser submetidos à análise de endogamia nas progênies. Em seguida, 313 indivíduos proveniente de 5 famílias (S_1 BGM-1163, S_1 e S_2 de Mani Branca, S_1 e S_2 de BRS Mulatinha) autofecundadas foram genotipados para os locos identificados como heterozigóticos nos respectivos parentais. 14 primers foram selecionados para genotipagem das progênies S_1 BGM-1163, 5 para a progênie S_1 Mani Branca e 6 para a progênie S_2 Mani Branca. Para as demais progênies foram identificados apenas um loco polimórfico e por isso, não foram calculados os parâmetros de endogamia. As análises moleculares dos dados foram realizadas com o auxílio do pacote *adegenet* no ambiente de programação R v3.5.1 para determinar a heterozigosidade observada (H_o) e coeficiente de endogamia (f). Foi possível selecionar indivíduos com alta endogamia, sendo que na progênie S_1 BGM-1163 13% dos indivíduos apresentaram $f \geq 0,50$, enquanto que nas progênies S_1 e S_2 de Mani Branca cerca de 7% e 17% dos indivíduos foram caracterizados com $f \geq 0,50$. Quatro indivíduos da família S_1 Mani Branca e dois indivíduos da família S_2 Mani Branca foram selecionados para os próximos ciclos de autofecundação, visando o desenvolvimento de linhagens endogâmicas de mandioca.

Significado e impacto do trabalho: O desenvolvimento de linhagens endogâmicas pode permitir a exploração de efeitos genéticos até então negligenciados na cultura da mandioca, que são a heterose e características de expressão recessiva. Além disso, o uso da seleção assistida por marcadores pode reduzir em pelo menos a metade o número de autofecundações necessárias para geração destas linhagens endogâmicas.