

Identificação de regiões genômicas associadas à deterioração fisiológica pós-colheita em mandioca

Hiêda Sant'Ana dos Santos¹, Massaine Bandeira e Souza² e Eder Jorge de Oliveira³

¹Estudante de Agroecologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, estagiário da Embrapa Mandioca e Fruticultura, bolsista da Embrapa, Cruz das Almas, BA; ²Bióloga, doutora em Genética e Melhoramento, pós-doutorado na Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA;

³Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento, pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA.

Introdução

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma espécie de grande importância mundial pela sua segurança alimentar, em função da sua grande eficiência no acúmulo de carboidratos, tolerância à seca e produção em solos marginais. Apesar disso, um dos grandes entraves à competitividade da cadeia produtiva da mandioca em comparação com outras culturas amiláceas é a ocorrência da deterioração fisiológica pós-colheita (DFPC). A DFPC está relacionada a alterações fisiológicas e/ou bioquímicas nas raízes da mandioca, geralmente não relacionados ao ataque de microrganismos, fazendo com que as raízes se tornem impalatáveis e não comercializáveis. A identificação de fontes de tolerância à DFPC e o entendimento dos mecanismos genéticos associados a esse estresse fisiológico são as estratégias mais eficazes para minimizar os impactos negativos da DFPC, de forma a garantir a sustentabilidade da mandiocultura.

Objetivo

Identificar as regiões genômicas associadas à tolerância à deterioração fisiológica pós-colheita em mandioca (DFPC) por meio de estudos de associação genômica ampla (GWAS).

Material e Métodos

Dois ensaios de campo foram implementados em Cruz das Almas (BA), nos anos agrícolas de 2019/2020 (Experimento1) e 2020/2021 (Experimento2), sendo avaliados 353 e 718 genótipos, respectivamente. A colheita dos ensaios foi realizada de forma manual aos 12 meses após o plantio. Em seguida, as raízes foram identificadas e armazenadas em um galpão aberto com circulação de ar livre por 10 dias. Após esse período, as raízes foram cortadas e fotografadas com celular Android. As imagens foram processadas pelo software Image J (AvImJ) para estimar a área lesionada da DFPC. Também foi feita avaliação visual (AvVisual) por meio de uma escala diagramática (dois avaliadores). Os dados foram analisados por meio de análise de variância individual e conjunta, para estimação dos BLUPs. Foram estimados os componentes de variância e a herdabilidade no sentido amplo. A GWAS foi realizada utilizando 16k SNPs. Foi usado o modelo linear misto múltiplo (MLMM) com uma matriz de parentesco e estrutura populacional para cada ano de avaliação. As análises foram realizadas por meio do pacote Gapit implementado no software R.

Resultados

A severidade média da DFPC nos diferentes ensaios variou entre 23 a 28%. No Experimento2 a variância residual foi menor em relação ao Experimento1. Em contraste, a variância genética foi maior no Experimento1. A para a análise conjunta foi de 0,29 (AvImJ) e 0,26 (AvVisual), indicando que há uma predominância de efeitos ambientais no controle da característica. Já na análise individual, os valores de foram de magnitude mediana com variação entre 0,61 e 0,77, indicando uma expressão fenotípica mais estável. Portanto, o componente ambiental tem forte influência na expressão da DFPC e necessita ser acrescentado nos modelos. Os resultados da GWAS revelaram algumas regiões genômicas relacionadas à DFPC localizadas nos cromossomos 2, 5 e 12 na análise conjunta e nos cromossomos 1, 3, 8 e 15 nas análises individuais, embora não foram encontrados picos significativos ($p < 0,01$).

Conclusão

Não foram encontrados marcadores significativos nas análises de GWAS, mas houveram algumas regiões genômicas que podem estar associadas a deterioração fisiológica pós colheita, sendo necessária uma análise com mais genótipos e com inclusão da interação genótipo $\times$ ano no modelo para que futuramente essas informações possam ser utilizadas na seleção de genótipos resistentes à DFPC.

Significado e impacto do trabalho

Os genótipos mais tolerantes à DFPC serão utilizados para o desenvolvimento de cultivares com maior durabilidade da qualidade das raízes trazendo com isso maior flexibilidade na logística da colheita de mandioca e menor perda na pós-colheita, que atualmente são gargalos importantes tanto para mandioca de mesa quanto industrial. Por outro lado, a busca por SNP com alta significância para explicação da severidade da DFPC continua.