

## Identificação de duplicatas de acessos de *Manihot esculenta* Crantz

Maiane Suzarte da Silva<sup>1</sup>; Eder Jorge de Oliveira<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Estudante de Licenciatura em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; <sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: maisuzarte@yahoo.com.br, eder@cnpmf.embrapa.br

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma planta nativa do Brasil, o que garante ao país posição de destaque no cenário internacional, em relação aos recursos genéticos da espécie. Muitos acessos são armazenados nos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) que tem como missão, a conservação e o uso deste recurso genético para o desenvolvimento de novos produtos e tecnologias. Contudo, como a mandioca é um produto nacional e o trabalho de coleta do germoplasma é feito em diferentes regiões, é comum o uso de diferentes nomes para um mesmo material. Com isso, a ocorrência de genótipos duplicados é comum nos BAGs. Entretanto, as duplicatas de acessos comprometem o avanço nas pesquisas referentes ao germoplasma da espécie, pois existe necessidade de maiores investimentos em áreas de plantio e na mão-de-obra para conservação, caracterização e avaliação. Considerando a potencialidade de uso de dados moleculares para geração de polimorfismos diretamente em nível de DNA, este trabalho teve como objetivo identificar duplicatas de acessos no BAG-Mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura com base em marcadores SNP (*Single-Nucleotide Polymorphism*) e SSR (*Simple Sequence Repeat*). A partir da análise de 402 SNPs em 1280 acessos de germoplasma foram identificados 479 acessos com alto grau de similaridade genética (<0,05). Em seguida estes acessos foram genotipados com 19 marcadores SSR distribuídos em 10 grupos de ligação do mapa genético de *M. esculenta*. Com base na análise conjunta dos marcadores e considerando a presença de no máximo cinco alelos diferentes entre os pares de genótipos, constatou-se a presença de 312 acessos duplicados, resultando em 119 grupos possuindo de 2 a 10 acessos com alta identidade genética. Portanto, os resultados indicaram a presença de cerca de 15% de acessos duplicados no BAG-Mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura com base em marcadores moleculares do tipo SNP e SSR. Estes dados serão analisados conjuntamente com dados agrônômicos e morfológicos para descarte final destes genótipos.

**Palavras-chave:** Mandioca; SSR; SNP; recursos genéticos

---