

Seleção assistida por marcadores moleculares para obtenção de indivíduos endogâmicos em populações segregantes de mandioca.

Ana Claudia Oliveira Barbosa¹; Paulo Henrique Gomes Alves de Oliveira²; Cátia Dias do Carmo³; Iane dos Santos Queiroz⁴; Eder Jorge de Oliveira⁵; Cláudia Fortes Ferreira⁵

¹Estudante de Licenciatura em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, aina-cob2@hotmail.com;

²Mestrando em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, paulohenrique1520@hotmail.com; ³Doutoranda em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, catiadiasdocarmo@gmail.com; ⁴Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, q.iane@hotmail.com; ⁵Pesquisador(a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura, eder.oliveira@embrapa.br; claudia.ferreira@embrapa.br;

A seleção assistida por marcador (SAM) é um método de seleção de genótipos desejáveis com base em informações de marcadores moleculares de DNA, e tem como base o padrão molecular (genótipo) dos indivíduos, ao invés de considerar apenas as características observáveis (fenótipo). A seleção pode ser realizada em materiais na fase de plântulas, antes mesmo da floração, o que é particularmente útil no planejamento de cruzamentos apropriados entre os indivíduos selecionados. Portanto, este trabalho objetivou identificar, por meio de seleção assistida por marcadores moleculares (microsatélites e minissatélites), o nível de endogamia em três progênies S_1 autofecundadas de mandioca. Para tanto, foram analisados 235 indivíduos provenientes de três famílias (F1662, F1378, F222) S_1 autofecundadas, utilizando-se 27 iniciadores microsatélites e cinco iniciadores minissatélites para se avaliar o nível de endogamia com base em $f \geq 0,5$, sendo selecionados 18 iniciadores para as progênies F1662 e F222 e 16 iniciadores para a progênie F1378. As análises moleculares dos dados foram realizadas com o auxílio do software Powermarker 3.25 para determinar a heterozigosidade observada (H_o) e coeficiente de endogamia (f), em todos os indivíduos S_1 das três progênies de mandioca. Com as estimativas dos coeficientes de endogamia e heterozigosidade observada, foram construídos histogramas, em que as análises foram realizadas por meio do software R. A distribuição dos indivíduos S_1 de acordo com o coeficiente de endogamia (f) foi semelhante entre as três progênies analisadas. Observou-se maior proporção de indivíduos com estimativas do f nas classes de 0.4 a 0.6, representando 50%, 56% e 41% do total de indivíduos nas progênies F222, F1378 e F1662, respectivamente. As variações da distribuição dos indivíduos S_1 nas classes de 0.6 a 1.0, que consiste em indivíduos com endogamia elevada foi de 25% (F222), 21% (F1378) e 27% (F1662). Já quando se observa a distribuição de indivíduos com estimativa de f acima de 0.8, verifica-se que 1.25% dos indivíduos foram agrupados nessa classe para as progênies F222 e F1378, não sendo observados indivíduos para essa classe para a progênie F1662. A heterozigosidade observada (H_o) dos indivíduos S_1 para as três progênies apresentou bastante semelhança com coeficiente de endogamia, visto que houve maior concentração de indivíduos nas classes de 0.4 a 0.6 correspondendo a 50%, 45% e 41% do total de indivíduos nas progênies F222, F1378 e F1662, respectivamente. A distribuição de indivíduos com elevada H_o ($> 0,60$), variou em 24% (F222), 32% (F1378) e 31% (F1662). De acordo com os resultados das análises moleculares, os indivíduos com maior coeficiente de endogamia dentro de cada progênie ($f \geq 0,60$) foram selecionados para os próximos ciclos de autofecundação, sendo possível selecionar em média 20 indivíduos S_1 de cada progênie. A SAM foi eficiente na identificação e seleção de indivíduos S_1 de mandioca com maior endogamia, contribuindo para a redução nos ciclos de melhoramento para obtenção de linhagens endogâmicas.

Significado e impacto do trabalho: O uso de seleção assistida por marcadores moleculares permitirá uma economia de tempo, de recursos humanos e uma consequente redução no número de ciclos de autofecundações para gerar populações S_n , com locos fixados.