

## **Análise morfológica de acessos de mandioca identificados como duplicatas de acessos com base em marcadores moleculares**

**Gleidson Cerqueira dos Santos Pereira<sup>1</sup>; Naira dos Santos Dias<sup>1</sup>; Fabiana Ferraz Aud<sup>2</sup>;  
Vanderlei da Silva Santos<sup>3</sup>; Eder Jorge de Oliveira<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Estudante do Ensino Médio do Colégio Centro Educacional Cruzalense, bolsista IC-Embrapa; <sup>2</sup>Analista da Embrapa Mandioca e Fruticultura; <sup>3</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: [guel\\_191@hotmail.com](mailto:guel_191@hotmail.com), [nairadias\\_pink@hotmail.com](mailto:nairadias_pink@hotmail.com), [fabiana@cnpmf.embrapa.br](mailto:fabiana@cnpmf.embrapa.br), [vssantos@cnpmf.embrapa.br](mailto:vssantos@cnpmf.embrapa.br), [eder@cnpmf.embrapa.br](mailto:eder@cnpmf.embrapa.br)

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) apresenta ampla variabilidade genética decorrente da polinização cruzada e da alta heterozigosidade da espécie. A pesquisa com recursos genéticos desta espécie é o ponto de partida para viabilizar a pesquisa com recursos genéticos, visando o correto manejo do germoplasma e a formação de uma base de dados que garanta informação consistente ao melhorista. Contudo, os custos de manutenção dos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) são elevados, ainda mais quando se considera a presença de acessos duplicados. O objetivo desse trabalho foi avaliar algumas características morfológicas em grupos de acessos considerados duplicados com base em marcadores moleculares. Foram avaliados 65 grupos com alta similaridade genética com base na análise de marcadores do tipo SSR (*Simple Sequence Repeats*) e SNP (*Single-Nucleotide Polymorphism*), compostos por 2 a 5 acessos. Os acessos foram caracterizados aos 12 meses para 23 descritores de caule e folhas. Dos 65 grupos avaliados 25 apresentaram mais de 70% de descritores com alta semelhança morfológica entre os acessos. Apenas 4 grupos apresentaram semelhança morfológica entre acessos abaixo de 50%. O número de descritores morfológicos que não apresentou a mesma classe nos 65 grupos de acessos variou de 2 a 14. Em análise externa aos grupos, quando se observa os 23 descritores avaliados, 5 descritores revelaram menos de 50% de semelhança morfológica entre acessos, 10 descritores mostraram de 50 a 80% de coincidência de classes e, uma semelhança morfológica acima de 80% foi verificada apenas para 8 descritores. Apesar de muitos acessos dentro dos grupos terem apresentado características morfológicas semelhantes entre si, observa-se que o número de características que demonstraram diferenças entre os acessos no mesmo grupo foi alto. Isso indica que mesmo se tratando de características morfológicas de alta herdabilidade, pode haver dificuldade de leitura no momento da caracterização, sobretudo para descritores relacionados a um gradiente de cores e aqueles que são mais propensos a uma maior influência do ambiente como níveis de ramificação, filotaxia e ângulo de ramificação. Diante desta situação, estes genótipos devem ser mantidos no banco de germoplasma até que os acessos do mesmo grupo de similaridade sejam avaliados de forma pareada em campos de observação. Além disso, estes resultados demonstram que é preciso reduzir o número de classes dentro de certos descritores, para minimizar o erro de distinção entre genótipos similares, bem como priorizar os descritores de maior herdabilidade em detrimento daqueles altamente influenciados por fatores ambientais.

**Palavras-chave:** *Manihot esculenta* Crantz; duplicatas; germoplasma