

# Nº 179 – ANÁLISE GENÉTICA DE TRÊS COLEÇÕES DE GERMOPLASMA DE MANGABEIRA (*Hancornia speciosa* Gomes) POR GENOTIPAGEM DE SNPs COM DArTSeq



Multifuncionalidade e Qualidade de Vida

08 a 11 nov. de 2022

**Bianca S. Alcântara**<sup>1</sup>; Lorena R da Mata<sup>1</sup>; Fernando S. Rocha<sup>2</sup>; Lázaro Chaves<sup>3</sup>; Mariana P. C. Teles<sup>3</sup>; Josué Francisco da Silva Jr.<sup>4</sup>; Ana Veruska C. Silva<sup>4</sup>; Orzenil B. Silva-Junior<sup>1</sup>; Dario Grattapaglia<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; <sup>2</sup>Embrapa Cerrados; <sup>3</sup>Universidade Federal de Goiás; <sup>4</sup>Embrapa Tabuleiros Costeiros.

VII CBRG  
CONGRESSO BRASILEIRO  
DE RECURSOS GENÉTICOS

## INTRODUÇÃO

Bancos ativos de germoplasma (BAGs) são estratégias-chave para a conservação e uso efetivo da diversidade genética. Em muitos casos, o tamanho das coleções de germoplasma limita sua eficiente utilização e qualidade de gestão. Nesses casos, o estabelecimento de coleções nucleares é indicado como a forma mais indicada para utilizar o germoplasma disponível.

O estabelecimento de coleções nucleares consiste na seleção de uma quantidade reduzida de acessos que representem a maior diversidade genética possível da coleção base dos BAGs. A utilização da estratégia de maximização (estratégia M) (Schoen & Brown, 1993 10.1073/pnas.90.22.10623) tem sido a abordagem mais apropriada para a seleção de uma coleção nuclear. Essa estratégia maximiza a diversidade genotípica na coleção nuclear pela seleção de acessos com alta riqueza de alelos e baixa redundância.

Tendo em vista que os BAGs de Mangabeira são essencialmente inexplorados, a proposição de coleções nucleares com máxima diversidade é um passo importante para otimizar as atividades complexas e caras de caracterização fenotípica visando assim a utilização direcionada do germoplasma no melhoramento. Marcadores moleculares permitem estudar a estrutura genética de BAGs e propor coleções nucleares com máxima diversidade.

## OBJETIVOS

Caracterizar a diversidade e estrutura genética de três BAGs de Mangabeira e propor diferentes coleções nucleares com máxima representatividade da diversidade genética existente

## MATERIAL E MÉTODOS

- ✓ Foram analisadas 510 plantas de mangabeira coletadas em três BAGs mantidos na Embrapa Cerrados, CPAC (n=191), na Universidade Federal do Goiás, UFG (n=147) e na Embrapa Tabuleiros Costeiros, CPATC (n=172).
- ✓ Análises de diversidade genética foram realizadas com dados de genotipagem de SNPs identificados pela técnica DArTseq (Sansaloni et al. 2011 DOI: 10.1186/1753-6561-5-S7-P54).

- ✓ Os dados de SNPs foram filtrados com % de chamada de genótipos (*call rate*)  $\geq 90\%$  e MAF (*minor allele frequency*)  $\geq 0,05$
- ✓ Para a proposição de coleções nucleares, foi utilizado o software CoreFinder 1.0 que implementa a estratégia M.
- ✓ Para estabelecer coleções nucleares, foram utilizadas três estratégias e foram realizadas 10 replicas para cada análise:
  - 1) *Análise estratificada 1*: coleções nucleares extraídas em cada BAG separadamente;
  - 2) *Análise estratificada 2*: os BAGs da UFG e do CPAC foram reunidos com base no  $F_{st} = 0,041$ ; BAG do CPATC separadamente;
  - 3) *Análise conjunta*: extração de uma coleção nuclear única envolvendo os três BAGs conjuntamente;

## RESULTADOS E CONCLUSÕES

**Marcadores SNPs.** Foram detectados 3391 SNPs com proporção de chamada de genótipos (*call rate*)  $\geq 90\%$ , dos quais 561 mais informativos (MAF, *minor allele frequency*  $\geq 0,05$ ) na análise conjunta das 510 plantas, foram utilizados nas análises genéticas.

**Análise de diversidade e estrutura genética.** Uma análise de variância molecular revelou que 34% da variabilidade genética é encontrada entre os BAGs e 66% dentro deles. Os BAGs da UFG e CPATC apresentaram a maior diferenciação genética ( $F_{st} = 0,271$ ) consistente com a origem geograficamente distinta dos acessos, enquanto a do CPAC é geneticamente próxima á da UFG ( $F_{st} = 0,041$ ). Heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e % SNPs

polimórficos resultaram, respectivamente, em 0,141;97,2% (UFG), 0,137;85,7% (CPAC), e 0,110;83,2% (CPATC). Os três BAGs apresentaram uma redução significativa de heterozigosidade ( $F_{is} = 0,28$  a 0,39). Esta redução pode ser explicada pela existência de forte subdivisão populacional dentro de cada BAG (efeito Wahlund) como resultado da consolidação de populações geneticamente distintas no processo de montagem e manutenção dos BAGs.

**Proposição de coleções nucleares.** Na análise estratificada dos BAGs, coleções foram propostas com 36 acessos para o BAG do CPATC (36/172 = 21%), 38 para o BAG da UFG (38/147 = 26%) e 50 para o BAG do CPAC 950/191= 26%). Ou seja, com cerca de 20-26% das plantas em cada BAG é possível capturar 100% da variabilidade genética detectada com SNPs. Na análise estratificada 2, ao reunir os BAGs da UFG e CPAC, com apenas 41 acessos a variabilidade de ambos os BAGs seria representada, corroborando a baixa diferenciação entre estes dois BAGs. Na análise dos três BAGs conjuntamente, 33 plantas, sendo 7 do BAG-CPATC, 13 do BAG-CPAC e 13 do BAG-UFG, foram propostas para a montagem de uma coleção nuclear única (Fig. 1).

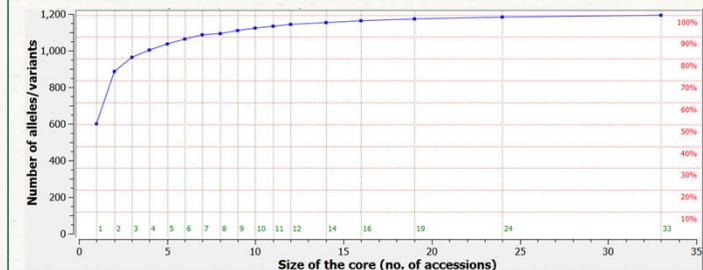


Fig. 1. Gráfico obtido no CoreFinder 1.1 para a análise dos três BAGs conjuntamente

Em conclusão, a análise genética realizada com marcadores SNPs distribuídos pelo genoma da mangabeira permite a definição de coleções nucleares com máxima representatividade genética e mínima redundância do ponto de vista de ancestralidade comum entre acessos. É importante lembrar, entretanto, que a análise com marcadores genéticos neutros é apenas uma ferramenta complementar aos dados fenotípicos, informações de passaporte e características peculiares de acessos que evidentemente devem ser levados em consideração na montagem final de coleções nucleares para conservação e caracterização

**AGRADECIMENTOS** Projeto NextFruit – FAP-DF