

## Caracterização de espécies silvestres de *Manihot* no pré-melhoramento de mandioca

Ariana Silva Santos<sup>1</sup>; Milena Andrade Nogueira<sup>2</sup>; Tainã de Jesus Santos<sup>2</sup>; Carlos Alberto da Silva Ledo<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Estudante de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, bolsista IC-CNPq;

<sup>2</sup>Estudante do Ensino Médio, bolsista IC Junior-Fapesb; <sup>3</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

E-mails: ana.silva0491@hotmail.com, juccyaraujo@hotmail.com, ledo@cnpmf.embrapa.br

O uso de espécies silvestres de *Manihot* em programas de melhoramento genético de mandioca é limitado por não estarem prontamente disponíveis para os melhoristas ou muitas delas não se estabelecerem fora do seu ambiente natural. Espécies silvestres do gênero *Manihot*, embora pouco estudadas, são importantes reservatórios de alelos de interesse a serem transferidos para espécies cultivadas, visando o desenvolvimento de variedades melhoradas que sejam mais resistentes a fatores bióticos e abióticos e que expressem maior produtividade. O presente trabalho tem como objetivo dar início à estimativa da variabilidade genética por meio de marcadores moleculares, visando sua utilização em programas de pré-melhoramento genético como produção de híbridos interespecíficos entre espécies silvestres e variedade elites de mandioca. Foi extraído DNA de folhas jovens de 33 acessos de espécies silvestres de *Manihot*, segundo a metodologia proposta por Doyle & Doyle (1990). Posteriormente, o DNA extraído foi quantificado e a sua qualidade avaliada em agarose 0,8%. O mesmo foi visualizado em transiluminador e o gel de agarose fotografado com o sistema Vilber Lourmat de fotodocumentação. Serão realizadas reações de amplificação via marcadores RAPD e ISSR, que serão conduzidas de acordo com o protocolo descrito por Williams et al. (1990). O DNA foi quantificado e sua concentração determinada, para posterior diluição e início das amplificações com utilização de marcadores moleculares. Para um estudo relativo de variabilidade genética dos acessos de *Manihot* sp. da coleção da Embrapa via marcadores moleculares, os dados serão analisados após a amplificação, onde espera-se determinar a variabilidade genética presente nos acessos avaliados de forma que estes possam ser utilizados em programas de hibridação.

**Palavras-chave:** hibridação; melhoramento; marcadores moleculares

---