

Seleção de genótipos de mandioca com o gene *waxy*

Priscila Patricia dos Santos Silva¹; Cátia Dias do Carmo²; Gilmara Alvarenga Fachardo Oliveira³; Eder Jorge de Oliveira⁴

¹Estudante do Bacharelado em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Doutoranda em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ³Doutoranda em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ⁴Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: prisilva.bio@gmail.com, catiadiasdocarmo@gmail.com, gfachardo@yahoo.com.br, eder.oliveira@embrapa.br

Introdução – Alterações no gene GBSSI (*Granule-bound starch synthase I*) da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) originam o amido ceroso (tipo *waxy* - *wx*), que é caracterizado por apresentar até 5% de amilose. Este tipo de amido possui diversas aplicações na indústria de alimentos, e atualmente somente é obtido por meio de modificações químicas e físicas de alto custo. Portanto, o desenvolvimento de variedades com o amido ceroso é uma estratégia viável, embora seja necessário conhecer o germoplasma que possui alelos para o gene *waxy*, pois caso contrário as ações de pesquisa podem resultar em insucesso. **Objetivo** – O presente estudo objetivou utilizar a seleção assistida por marcadores SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), para identificação de acessos de mandioca com alelos do gene *waxy*. **Material e Métodos** – Foi utilizado o DNA genômico de 1520 acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca (BAG-Mandioca) para as análises com marcadores SNPs (MEWx-G e MEWx-C), que permitiram a identificação dos alelos *wx* (em homozigose recessiva - *wxwx* ou em heterozigose – *Wxwx*). A genotipagem dos acessos foi feita considerando a presença ou ausência da amplificação da banda. O genótipo GC caracterizou os indivíduos heterozigóticos (*Wxwx*); enquanto GG e CC caracterizaram os indivíduos homozigóticos tipo *waxy* e não *waxy*, respectivamente. **Resultados** – Dos 1520 acessos de mandioca, um total de 1309 foram identificados como homozigóticos dominantes (não *waxy*) e 211 acessos como heterozigóticos para o gene *waxy*. A identificação dos acessos heterozigóticos não pode ser feita de forma visual (teste do iodo), considerando que o gene *waxy* se expressa apenas na forma homozigótica recessiva. Portanto, o presente trabalho traz um avanço importante no uso de marcadores SNPs associados a características de interesse, como é o caso do gene *waxy*. A identificação dos acessos que possuem alelos heterozigóticos com uso dos marcadores SNPs permitirá a autofecundação direcionada para este conjunto de acessos, com intuito de identificar genótipos homozigóticos recessivos na geração S₁. Por meio desta autofecundação a segregação da prole será de 25% homozigotos dominantes, 50% heterozigotos e 25% homozigotos recessivos. Dessa forma será possível antecipar etapas para seleção de progênies com o fenótipo desejado. **Conclusão** – Não foi possível identificar acessos de mandioca em homozigose recessiva para o gene GBSSI. No entanto, a identificação de acessos heterozigóticos para esse gene pode direcionar as autofecundações para a obtenção de acessos de mandioca em homozigose recessiva.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz; amido ceroso; alelo *wx*; genotipagem; SNPs.