

## Seleção assistida para o gene *waxy* em população S<sub>1</sub> de mandioca

**Luana Ferreira dos Santos<sup>1</sup>, Priscila Patrícia dos Santos Silva<sup>1</sup>, Cátia Dias do Carmo<sup>1</sup>, Eder Jorge de Oliveira<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>UFRB - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, luannaoliveirabiologia@gmail.com, prisilva.bio@gmail.com, catiadiasdocarmo@gmail.com; <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, eder.oliveira@embrapa.br

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é originária do Brasil e tem sido cultivada em diversas regiões do país. As raízes da mandioca são consumidas *in natura* ou na forma de produtos derivados do amido. Neste último segmento, tem-se uma alta diversidade de aplicações industriais seja na forma de alimento ou como matéria prima para outros segmentos. Em função da maior flexibilidade de usos, a indústria de amido tem elevada demanda por amidos especiais. Alterações no gene *Granule-bound starch synthase I* - GBSSI originam um amido ceroso (tipo *waxy*), ou seja, com baixíssimo teor de amilose, que possui aplicações especiais na indústria de alimentos. Acessos de mandioca heterozigóticos para o gene GBSSI (*Wxwx*) foram identificados e selecionados no Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Alguns destes indivíduos foram autofecundados para geração de indivíduos homozigóticos recessivos. O objetivo deste trabalho foi realizar uma triagem das populações S<sub>1</sub> com uso da seleção assistida por marcadores moleculares (SAM), para a presença dos alelos *wx*. Foram coletadas folhas de três populações autofecundadas S<sub>1</sub> (⊗BGM0061 (F-61), ⊗BGM0935 (F-935) e ⊗BGM0436 (F-436)). O DNA genômico foi extraído utilizando-se o protocolo com CTAB (brometo de cetiltrimetilamônio). Para a análise molecular dos acessos foi utilizado um par de iniciadores que permitem a identificação dos alelos *wx*. A genotipagem das populações S<sub>1</sub> foi realizada com base na presença ou ausência de amplificação dos fragmentos específicos. A amplificação conjunta dos iniciadores MeWx-G e MeWx-C caracterizou os indivíduos heterozigóticos (*Wxwx*); enquanto a presença apenas do fragmento do iniciador MeWx-C caracterizou os indivíduos homozigóticos dominantes (*WxWx*), ou seja, não *waxy*; e a presença dos fragmentos associados ao iniciador MeWx-G, os indivíduos homozigóticos recessivos (*wxwx*), o tipo *waxy*. Do total de 61 plantas pertencentes à F-61, 16 foram identificadas como homozigóticas dominantes, 32 como heterozigóticas e 13 como homozigóticas recessivas para o gene *waxy*. Do total de 101 plantas pertencentes à F-935, 38 foram identificadas como homozigóticas dominantes, 41 como heterozigóticas e 22 como homozigóticas recessivas para o gene *waxy*. Das 25 plantas pertencentes à F-436, oito foram identificadas como homozigóticas dominantes, 10 como heterozigóticas e sete como homozigóticas recessivas para o gene *waxy*. A segregação dos alelos seguiu a distribuição do tipo monogênica dominante/recessiva com valores de 0,44, 0,56 e 0,12 para as famílias F-61, F-935 e F-436, respectivamente. Apesar da distribuição esperada para a presença do alelo *wx*, nenhum dos indivíduos identificados como homozigótico recessivo expressou o fenótipo *waxy*. Algumas hipóteses podem ser levantadas para explicar esta observação: 1) o número de indivíduos de cada população não foi elevado o suficiente para detectar a presença dos genótipos *wxwx* que deveriam aparecer na frequência de 25%; 2) o ponto de mutação no gene GBSSI (alelos C/G), publicado na literatura, refere-se apenas a uma associação aleatória com o gene *waxy*, restrito apenas à população de descoberta do gene. Independente destas hipóteses, os próximos passos deste trabalho referem-se à autofecundação de outros acessos heterozigóticos, bem como estudos de *genome wide association studies* (GWAS) para descoberta efetiva de qual região genômica está efetivamente associada ao fenótipo *waxy* em populações naturais.

**Significado e impacto do trabalho:** A partir da utilização de marcadores foi possível identificar os acessos homozigóticos recessivos para o gene GBSSI antes da sua expressão, sendo possível antecipar etapas para seleção de progênies com o fenótipo desejado.