

Amplificação de genes da rota metabólica do amido de mandioca para mapeamento associativo

Letícia Maróstica de Vasconcelos¹; Cátia Dias do Carmo²; Eder Jorge de Oliveira³

¹Mestranda do Curso de pós-graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²

Doutoranda do Curso de pós-graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia;

³Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: leticia.ufrb@gmail.com, catiadiasdocarmo@gmail.com, eder.oliveira@embrapa.br

Introdução – A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma espécie que acumula grande quantidade de amido nas raízes, sendo importante alimento para milhões de pessoas ao redor do mundo. O amido de mandioca é constituído basicamente por amilose e amilopectina, com proporção média na maioria das variedades de 1:5. O entendimento dos mecanismos genéticos relacionados ao acúmulo de amido e direcionamento dos seus componentes podem ser úteis para a orientação dos cruzamentos para obtenção de variedades de mandioca com amidos diferenciados ou com maior teor de matéria seca. O polimorfismo molecular pode ser associado a características fenotípicas resultante dos efeitos de genes da rota metabólica do amido. **Objetivo** – O objetivo do presente trabalho foi o desenho e otimização de iniciadores relacionados a genes candidatos da biossíntese de amido em mandioca e posterior identificação de polimorfismo molecular. **Material e Métodos** – Para o desenho dos iniciadores por meio de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) específica, foram selecionados 10 genes da rota metabólica do amido, obtidos no banco de dados NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Para a otimização dos iniciadores, foram utilizados DNA genômico de 96 acessos de mandioca pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca (BAG-Mandioca), fenotipicamente contrastantes para o teor de amido nas raízes. **Resultados** – Dos 10 iniciadores testados, oito amplificaram produtos de PCR compatível com o desenho dos iniciadores. A reação de PCR permitiu a identificação de polimorfismo de tamanho dos fragmentos amplificados nos diferentes acessos de mandioca, sobretudo para os genes *Branching enzyme* (Me-Ba), *Debranching enzyme* (Me-Be), *Granule bound starch synthase I* (Me-GBSSI), *Granule bound starch synthase II* (Me-GBSSII), *Starch synthase I* (SSI), *Sucrose transporter1* (Me-SUT1), *α-amylase* (MEAmy2), *Glucan Water Dikinase* (GWD), indicando que estes genes não são conservados como descrito na literatura e que polimorfismos moleculares de outras natureza como polimorfismo de base única (SNP) e *indels*, certamente serão detectados após o sequenciamento dos fragmentos de PCR. Os resultados gerados por esta pesquisa serão de grande utilidade para o melhoramento genético, pois permitirá maior compreensão sobre as variações alélicas da rota metabólica do amido em mandioca e fornecerão subsídios na seleção assistida por marcadores. **Conclusões** - Polimorfismo no tamanho dos fragmentos amplificados por PCR para os oito genes analisados da rota metabólica do amido de mandioca foi detectado. Com o sequenciamento destes fragmentos espera-se encontrar SNPs e *indels* que serão futuramente utilizados para o mapeamento associado para análises genéticas do teor e propriedades do amido.

Palavras-chave: Melhoramento genético; SNP; biossíntese de amido.