

049

**VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE MILHO DOCE E MILHO COMUM ESTIMADA POR MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES (SSR).** *Osmar Conte, Maria Jane C.M. Sereno, Cícero C. S. Almeida.*(Departamento de Plantas de Lavouras – Faculdade de Agronomia-

UFRGS).

O milho é a segunda cultura mais cultivada no mundo. Seus grãos são utilizados de várias maneiras, no consumo *in natura*, alimentação animal, produção de medicamentos entre outros. Existem vários tipos de milhos especiais, entre eles o milho doce que apresenta grande potencial econômico para pequenos produtores. O cultivo deste tipo especial de milho é pouco difundido no Brasil. Diversos fatores são apontados como responsáveis, entre os quais a inexistência de variedades bem adaptadas às condições de cultivo e a presença de caracteres agrônômicos indesejáveis. Além destes, existem outros problemas, como pericarpo muito espesso e textura inadequada do grão. Desta forma é necessário o desenvolvimento de genótipos bem adaptados, produtivos e com boas características agrônômicas e específicas de grão. Assim sendo, a análise da variabilidade genética é o ponto de partida para obtenção de sucesso no melhoramento do milho doce. Esta cultura sofreu mutações recessivas a partir do milho comum, as quais aumentaram os níveis de açúcares no endosperma. Desta forma, o milho comum é uma importante fonte de variabilidade genética para ser utilizada no melhoramento de milho doce. Inúmeras técnicas têm surgido com objetivo de estimar variabilidade, entre elas os marcadores do tipo microssatélites (SSR: *Simple sequence repeats*) que consistem de pequenas seqüências com 1 a 4 nucleotídeos de comprimento, repetidas lado a lado. O objetivo do presente trabalho foi estimar a variabilidade genética existente entre genótipos de milho doce e milho comum disponíveis no Sul do Brasil, através de marcadores moleculares microssatélites. Foram utilizados duas populações de milho doce (BR400 e BR402) e duas populações de milho comum (Suwan e Pampa). A extração de DNA foi realizada de acordo com o procedimento descrito por Edwards et al. (1991). Foram utilizados dez pares de *primers* de microssatélites. As reações foram preparadas para um volume de 20 µl. Cada mistura de reação continha: 8 ng de DNA genômico; Tampão 10X; 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>; 0,2 mM de dNTP; 1U de Taq-DNA Polimerase; 0,3 µl de cada *primer*. As amplificações foram feitas utilizando 18 ciclos de 94°C por 1 minuto seguido de um decréscimo de 1°C a cada 2 ciclos (64°C a 55°C) e 72°C por 1 minuto. Somaram-se a isso 30 ciclos a 94°C por 1 minuto, 55°C por 1 minuto e 72°C também por 1 minuto. O marcador DNA ladder - 100pb (Gibco BRL) foi utilizado como padrão de peso molecular. Foi utilizado gel de acrilamida 6% e revelados com nitrato de prata. O trabalho está em andamento, com previsão de término em dezembro do corrente ano. A análise da similaridade genética será realizada através do índice de similaridade genética de Nei & Li (1979). Dendograma será construído utilizando o procedimento SAHN do aplicativo NTYSY PC.