

CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MILHO COM POTENCIAL ANDROGENÉTICO ATRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES DO TIPO SSR. Camila Martini Zanella, Luana Olinda Tacuatiá, Kelly Cristini Silva de Deus, Danielle Costenaro da Silva Serafim, Ana Paula de Moraes, Eliane Kaltchuk-Santos, Fernanda Bered (orient.) (Genética, UFRGS).

A cultura do milho no estado do Rio Grande do Sul ocupa aproximadamente 28% do total das áreas cultivadas com culturas de grãos de primavera-verão, possuindo relevante importância para agricultura e economia gaúcha. A androgênese é o fenômeno no qual um micrósporo é capaz de alterar sua rota de desenvolvimento originando um esporófito haplóide. A geração de haplóides pode auxiliar na detecção de genes ligados a caracteres de herança quantitativa, selecionar traços recessivos e dominantes, e possibilitar a construção de mapas gênicos baseados em marcadores moleculares. Os objetivos deste trabalho são: a) caracterizar diferentes genótipos brasileiros de milho, em nível de DNA, utilizando marcadores SSR; b) agrupar os genótipos através de métodos aglomerativos, buscando o conhecimento da amplitude da base genética do germoplasma testado, com vistas na possibilidade de encontrar genótipos responsivos à cultura de anteras. Foram avaliados 22 genótipos de milho; a extração de DNA foi realizada segundo Doyle & Doyle (1987); o protocolo de amplificação para SSR utilizado foi o Liu et al (1996). Foram utilizados até o momento 6 pares de primers de SSR; a avaliação das amplificações foi feita em gel de acrilamida 6% corados em nitrato de prata. A similaridade entre os genótipos foi estimada pelo coeficiente de Jaccard através do programa NT-SYS e o agrupamento por UPGMA (NT-SYS). Todos os loci de SSR avaliados revelaram polimorfismo, com uma média de 4,33 alelos por locus e uma porcentagem de 50,5 de genótipos heterozigotos. A similaridade média entre os genótipos, de acordo com o coeficiente de Jaccard, foi de 0,42. Posteriormente serão avaliados mais nove locos de SSR para a obtenção de uma melhor cobertura do genoma e os resultados serão correlacionados com novos dados de cultivo in vitro das anteras dos mesmos genótipos que serão obtidos por nosso grupo.