



XVI Encontro de Geneticistas do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, de 27 à 29 de julho de 2008

## **Análise da diversidade genética em híbridos de milho através de marcadores moleculares**

Bispo, Noryam Bervian; Tessele, Carolina; Neto, José Fernandes Barbosa.

Universidade Federal do Rio Grande do Sul, email para contato: [nory.bispo@gmail.com](mailto:nory.bispo@gmail.com)

A avaliação da diversidade genética através do uso de marcadores moleculares possibilita a identificação de polimorfismo genético entre indivíduos, tem a vantagem de não apresentar interações com o ambiente, além de poder ser avaliado em qualquer estágio de desenvolvimento das plantas. O presente trabalho teve por objetivo detectar a variabilidade genética em híbridos de milho de três empresas de sementes e verificar as diferenças entre as técnicas de marcadores SSR e RAPD. A avaliação da variabilidade genética entre 15 híbridos de milho pertencentes a três diferentes empresas de sementes (Pioneer Sementes Ltda, Agroeste Sementes e Syngenta Seeds) foi realizada no Laboratório de Biotecnologia Vegetal, localizado no Departamento de Plantas de Lavoura da Faculdade de Agronomia da UFRGS no ano de 2007. Os resultados permitiram a identificação de 145 alelos nos 34 locos de SSR analisados, com uma média de 4,3 alelos por loco. Apenas um loco foi monomórfico e os restantes polimórficos, variando de dois a oito alelos por loco. Para a análise de marcadores RAPD, dos 12 primers testados, nove amplificaram e apresentaram 68 bandas polimórficas. O número médio de bandas por primer foi de 7,5, variando de três a 15 bandas. A análise através do marcador de SSR revelou um agrupamento aparente de acordo com a empresa detentora do híbrido, o que não foi observado através da análise por RAPD. A similaridade média foi de 0,38 para o marcador de SSR e de 0,35 para RAPD. Os resultados obtidos demonstraram a existência de variabilidade genética entre os híbridos das empresas de sementes analisadas. Ambos os marcadores avaliados podem ser utilizados em análise de diversidade genética, sendo que a utilização de um marcador não dispensa a utilização do outro, uma vez que são complementares. O emprego conjunto pode ser justificado pela natureza diferente destes marcadores, os quais acessam regiões distintas do genoma.