

Seleção de *primers* para análise da divergência genética em populações de milho crioulo

Bianca Oliveira Machado¹, Cristina Slaviero¹, Ariel Rizzardo¹, Marcos Slaviero¹, Noryam Bervian Bispo^{1*}
*Orientador

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul (IFRS) -
Campus Sertão. Sertão, RS, Brasil.

O milho (*Zea mays* L.) é uma das principais espécies cultivadas no mundo, sendo considerado uma das bases da alimentação animal e humana. A variabilidade genética existente nesta cultura é bastante ampla, e pode ser exemplificada pelas diversas variedades crioulas existentes. Estas variedades apesar de pouco exploradas pelos programas de melhoramento, são interessantes do ponto de vista da imensidade de genes pouco ou simplesmente não explorados pelas empresas. Por isso, o objetivo deste trabalho é selecionar *primers* de microssatélite em bancos de dados *on line*, para posteriormente analisar a variabilidade genética de populações de milho crioulo cultivados na região de Sertão, e através desta análise, diagnosticar a situação deste tipo de cultivo alternativo. A análise molecular fornece com maior confiança o diagnóstico da situação e o uso de marcadores moleculares como ferramenta auxilia no melhoramento de plantas facilitando o acesso direto ao genótipo de um indivíduo. Serão avaliadas em torno de 30 populações de milho crioulo coletadas na região de Sertão. O DNA será extraído e quantificado em espectrofotômetro utilizando a técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e o marcador molecular utilizado será do tipo microssatélite (SSR). Até o momento, está sendo feita uma pesquisa no Banco de Dados *on line* do Genoma do Milho para a futura aquisição dos *primers* de microssatélite. Posteriormente, a análise do DNA amplificado será feita com gel de agarose em cuba de eletroforese, no qual os fragmentos serão marcados e posteriormente visualizados em luz ultravioleta. Os resultados obtidos foram a localização de algumas sequências nucleotídicas que estão relacionadas à genes de resistência a doenças expressivas para a cultura, como a resistência à Ferrugem Polissora causada pelo fungo *Puccinia polysora*, da resistência ao Mosaico Comum em milho e a resistência a Ferrugem Comum provocado pelo patógeno *Puccinia sorghi*. Ao final do estudo, os dados obtidos serão comparados com caracteres agrônômicos observados a campo, já que a expressão fenotípica também contribui para analisar a similaridade genética das variedades em questão. A disponibilidade dessas informações sobre o material genético das raças crioulas possibilitará diagnosticar a situação local do cultivo de milho crioulo da região e poderá facilitar a busca de genes de tolerância e/ou resistência à fatores bióticos e abióticos relacionados à cultura, sendo interessante para programas de melhoramento genético deste cereal.

Palavras-chave: Landraces. Variabilidade genética. Programas de melhoramento. Marcadores moleculares.

Trabalho executado com recursos do Edital PROPI n° 014/2015 – Fomento Interno 2016/2017/Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica e/ou Tecnológica (PROBICT), da Pró-Reitoria de Pesquisa, Pós-Graduação e Inovação.