

ANÁLISE GENÉTICA EM MILHO CRIOULO PARA A PRODUÇÃO DE SILAGEM USANDO O MaizeGDB

Gabriela Cenedeze¹, Gabriela Dickmann Supptitz¹, Leticia Aparecida dos Santos Rosa¹, Noryam Bervian Bispo^{1*}
*Orientador(a)

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

O milho possui uma ampla variabilidade genética e o conhecimento desta variabilidade se torna importante ao se buscar alternativas de cultivos aos agricultores. As variedades crioulas como o próprio nome já diz, são aquelas já adaptadas ao local de cultivo, e que apresentam algumas vantagens quando comparadas com as variedades híbridas, como é o caso da rusticidade, maior tolerância às intempéries, maior produção de matéria seca e altos teores de amido no endosperma, apesar da pouca produtividade. No entanto, a principal vantagem destas variedades está em o produtor ter a própria semente de uma safra para a outra, diminuindo custos na aquisição deste insumo, além de ser uma boa alternativa para a produção de silagem com uma boa produção de matéria seca e outras características importantes como mencionado anteriormente. O conhecimento do teor da variabilidade genética dos milhos crioulos cultivados nas regiões analisadas é importante para diagnosticar a situação deste tipo de cultivo alternativo, e é nesse intuito que as análises moleculares são importantes, pois fornecem uma maior confiança do diagnóstico da situação, permitindo acessar o genótipo dos indivíduos sem a influência do ambiente, fornecendo maior confiabilidade dos resultados. O projeto teve início com uma revisão bibliográfica dos principais trabalhos na área de domesticação do milho, em seguida com o estudo de artigos on line no site do Genoma do Milho (MaizeGDB, 2020), com a seleção de genes que expressassem características morfológicas e bioquímicas de interesse econômico, realizada a avaliação dos primers existentes e desenho de novos primers com as características dos genes selecionados. Devido a pandemia não foram realizadas as práticas até o momento, mas quando possível as sementes serão semeadas em papel germitest, realizada a extração do DNA e após isso os dados serão analisados através da técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Espera-se diagnosticar a variabilidade genética das variedades crioulas de milho nas regiões coletadas bem como a similaridade dos genótipos indicando um parentesco entre as populações, além de ser uma pesquisa inicial para futuros estudos de mesmo âmbito. Até o momento os objetivos foram alcançados devido à importância analisada na revisão bibliográfica, bem como na confecção dos primers e estudo das características desejáveis para a produção, servindo de base para pesquisas futuras e continuidade do projeto.

Palavras-chave: Zea mays. Bioinformática. Landraces.