

Análise da variabilidade genética em populações de milho crioulo visando aplicações no melhoramento da espécie

Kelvin Jean Spagnol¹, Gabriela Dickmann Supptitz¹, Tayllana Schwanke Gonçalves¹, 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 (*Zea mays* subsp. *mays*), é uma espécie com capacidade produtiva e de adaptabilidade em diversos países do mundo, por conta disso, e de sua importância nutricional na alimentação humana, animal e na fabricação de derivados, é um dos principais produtos primários cultivados no mundo. Esse cereal é caracterizado como sendo uma planta do tipo alógama, ou seja, de polinização cruzada entre plantas, o que facilita a sua grande variabilidade de genótipos existentes, dentre eles as raças crioulas, as quais possuem adaptação local, podendo conter em suas estruturas genômicas informações importantes, até então pouco exploradas pela pesquisa, que poderão ser úteis para programas de melhoramento genético da espécie. Deste modo, o estudo das raças crioulas se faz importante, pois contribui também na conservação da espécie, através dos conhecimentos obtidos e incremento de informações no sequenciamento genético. O projeto teve início com uma revisão bibliográfica dos principais trabalhos na área de domesticação do milho, em seguida com o estudo de artigos com relação ao genoma do milho, voltadas a informações sobre a qualidade do milho usado na produção de silagem. Deste modo, foram feitas buscas por genes no banco de dados do MaizeGDB, estes responsáveis por alguma característica de interesse, dentre eles o gene *waxy1* identificado por Zm00001eb378140, que codifica a enzima granule bound starch syntase (GBSS), responsável pelo teor de amilose, o qual é precursor do amido no grão, juntamente com amilopectina. Com o conhecimento de genes importantes, foram selecionados primers já desenhados e também realizados novos primers, para sequência do trabalho. Os estudos realizados até o momento ocorreram de forma remota. Já no que diz respeito às atividades práticas, a realização não se tornou possível por conta da pandemia, contudo, assim que possível, objetiva-se dar sequência ao estudo, priorizando as atividades laboratoriais, que serão conduzidas no Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul – Campus Sertão, localizado no município de Sertão – RS. As análises serão iniciadas com a germinação das sementes de milho crioulo e posteriormente a massa verde será utilizada na extração do DNA, seguindo o protocolo do método CTAB, visto que posteriormente realiza-se a análise do DNA, amplificado via PCR. Pode-se concluir que perante cenário atual de pandemia, foi possível obter resultados satisfatórios, mesmo que de forma parcial.

Palavras-chaves: *Zea mays*. Bioinformática. Marcadores moleculares.