

183

**CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MILHO COM POTENCIAL ANDROGENÉTICO ATRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES DO TIPO SSR.** *Camila Martini Zanella, Eliane Kaltchuk dos Santos, Fernanda Bered (orient.) (UFRGS).*

A cultura do milho no estado do Rio Grande do Sul ocupa aproximadamente 28% do total das áreas cultivadas com culturas de primavera-verão, tendo relevante importância na economia gaúcha. A androgênese é o fenômeno no qual um micrósporo é capaz de alterar sua rota de desenvolvimento originando um esporófito haplóide, o qual, após sofrer duplicação cromossômica, pode ser utilizado na obtenção de populações para mapeamento de caracteres de importância agrônômica. A resposta androgenética é genótipo-dependente e herdável, sendo que a busca de genótipos brasileiros responsivos se torna de extrema importância. 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 genética do germoplasma testado, visando encontrar genótipos responsivos à cultura de anteras. Foram avaliados 15 genótipos de milho; a extração de DNA foi realizada segundo Doyle & Doyle (1987); utilizou-se o protocolo de amplificação para SSR de Liu *et al* (1996). Foram utilizados até o momento 10 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 locos de SSR avaliados revelaram polimorfismo, com uma média de 4,4 alelos por loco e uma porcentagem de 55,2 de genótipos heterozigotos. A similaridade média entre os genótipos, de acordo com o coeficiente de Jaccard, foi de 0,33. Serão avaliados mais, no mínimo, cinco locos de SSR para a obtenção de uma melhor cobertura do genoma. (PIBIC).