

**CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MILHO DOCE ATRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES DO TIPO RAPD.** *Mírian Cohen, Marciel Spellmeier, José F. Barbosa Neto, Fernanda Bered* (Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS).

O milho doce é considerado uma hortaliça que sofreu mutações recessivas a partir do milho comum, as quais aumentaram o nível de açúcares no endosperma, sendo uma cultura que pode ser utilizada para produção de milho verde “*in natura*” e processamento na indústria. Apesar deste potencial, o cultivo do milho doce é pouco difundido no Brasil devido, principalmente, à inexistência de programas de melhoramento que desenvolvam variedades bem adaptadas e com caracteres agronômicas desejáveis. Atualmente, um programa de melhoramento de milho doce vem sendo implementado na Faculdade de Agronomia da UFRGS, o qual está em suas etapas iniciais. O objetivo principal do presente trabalho foi o de caracterizar três populações de polinização aberta de milho doce disponíveis para o início do referido programa de melhoramento através de marcadores moleculares do tipo RAPD. Foram utilizadas 30 plantas de cada população (BR400, BR401 e BR402) para análise. A extração de DNA foi realizada conforme Edwards *et al.* (1991) e utilizado o protocolo de Mailer *et al.* (1997) modificado para as amplificações. Os resultados foram analisados em gel de agarose a partir da ausência ou presença de bandas para a confecção da matriz de dados. Até o momento foram utilizados 11 *primers*, sendo que todos revelaram polimorfismo. A média de similaridade de Jaccard dentro de cada população foi de 0,51, 0,41 e 0,58 para BR400, BR401 e BR402 respectivamente. Na análise dos dendogramas formados, foram observados dois grupos nas populações BR400 e BR401. Na população BR402 dois genótipos foram distintos e o restante formou um grande grupo, revelando maior similaridade genética. A média de similaridade entre as populações foi de 0,71, revelando uma maior similaridade genética inter-populacional do que intra-populacional. Os resultados indicam uma variabilidade genética potencial para o programa de melhoramento de milho doce. (CNPq, Fapergs, Propesq/UFRGS).