

Genotipagem molecular para caracterização de linhagens de milho

Abreu, CS¹; Santos, FAD¹; Pena, GC¹; Parentoni, SN²; Guimarães, PEO², Pacheco, CAP², Guimarães, LJM²; Guimarães, CT²; Jardim-Belicuas, SN²

¹ UNIFEMM, Av. Marechal Castelo Branco, 2765, Sete Lagoas – MG

² Embrapa Milho e Sorgo, CP 151, CEP 35701-970, Sete Lagoas – MG
silvia@cnpms.embrapa.br

Palavras-chave: milho, microssatélites, multiplex, linhagem elite, diversidade.

Introdução: O avanço genético de espécies cultivadas como o milho é alcançado por meio do melhoramento genético onde características desejáveis e herdáveis são selecionadas e devidamente combinadas. A base do melhoramento é a variabilidade genética, que precisa ser caracterizada e organizada dentro do germoplasma elite de forma a gerar combinações híbridas interessantes. O uso de técnicas moleculares para a caracterização de cultivares vem sendo fortalecido em função do alto grau de precisão que pode ser obtido pela genotipagem molecular. A genotipagem molecular permite a diferenciação inequívoca entre genótipos, o que possibilita a análise da distância genética entre cultivares em um tempo mais curto, favorecendo o programa de melhoramento. Os marcadores moleculares microssatélites, já descritos em milho são bastante polimórficos, e possuem grande potencial de utilização em estudos genéticos. **Objetivos:** Avaliar a diversidade genética entre linhagens elite de milho do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo utilizando marcadores microssatélite SSR e obter um perfil genético detalhado das mesmas para fins de proteção de cultivares. **Métodos:** A partir do DNA genômico de 100 linhagens elite foi realizada a genotipagem com 21 marcadores microssatélites fluorescentes em reações multiplex, no aparelho ABI377. A variação genética de cada loco foi medida em termos do número de alelos por loco e conteúdo de informação polimórfica (PIC). As estimativas da similaridade genética entre cada par de genótipos foram calculadas empregando-se o coeficiente de Jaccard. A análise de diversidade foi realizada com o complemento do índice de similaridade entre cada par de linhagens, utilizando o método hierárquico UPGMA (*Unweight Pair-Group Method Arithmetic Average*). **Resultados:** Os 21 locos SSR avaliados em milho foram polimórficos nas linhagens estudadas, amplificando um total de 370 alelos. O número de alelos por loco variou de oito (umc1771) a 36 (bnlg1006), indicando ampla diversidade genética entre os genótipos avaliados. Os valores de PIC para os 21 locos SSR de milho variaram de 0,65 (bnlg589) a 0,96 (bnlg1006). A partir da análise de agrupamento foi gerado um dendrograma que mostrou o alto grau de diversidade entre os materiais avaliados, informação útil ao programa de melhoramento em algumas de suas etapas, como na alocação de genótipos em grupos heteróticos e na seleção de genitores com maior nível de divergência genética para a geração de híbridos. **Conclusões:** Os marcadores SSR foram eficientes na caracterização das linhagens de milho podendo ser utilizados como descritores moleculares nos processos de proteção de cultivares e na avaliação da pureza genética. Observou-se a existência de uma grande diversidade genética no germoplasma elite do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo, que pode ser explorada visando à obtenção de cruzamentos superiores. **Apoio Financeiro:** Fapemig, Embrapa CNPMS.