

O milho doce (*Zea mays* L.) é ideal para o consumo na forma *in natura* e para a produção de conservas (enlatados) devido ao seu sabor adocicado e pericarpo mais fino. No Brasil seu consumo ainda não é expressivo devido a preferência pelo consumo de milho verde, mas a indústria vem incentivando o cultivo. Para pequenos produtores gaúchos é uma alternativa de renda, principalmente para aqueles que têm como cultivo principal o fumo, já que pode ser cultivado na resteva desta cultura. O objetivo deste trabalho é o de caracterizar a variabilidade genética disponível através de marcadores moleculares a partir de cinco populações de milho doce Superdoce (BR-400), Doce Cristal (BR-402,) SWB 585, SWB 551 e Tropical. O experimento foi conduzido no campo experimental e no Laboratório de Biotecnologia da Faculdade de Agronomia da UFRGS, em Porto Alegre. A análise de variabilidade genética será realizada através de marcadores SSR. A extração de DNA será realizada em 19 plantas em cada cultivar. A identificação de diferentes alelos (através de géis de poliacrilamida) permitirá calcular a distância genética entre os indivíduos e entre as populações e avaliar o seu grau de heterozigose. A partir destes dados será possível estimar a variabilidade existente entre populações, contribuindo com novas informações para subsidiar programas de exploração e melhoramento de milho doce.