

GMV046 - MAPEAMENTO DE QTLS ASSOCIADOS COM A TOLERÂNCIA AO ALUMÍNIO EM MILHO. (ZEA MAYS L.). CÁRDENAS N.F.E.; GUIMARÃES, C.T.; PARENTONI, S.N.; LOPES, M.A.; MORO, J.R.; PAIVA, E. EMBRAPA Milho e Sorgo, Núcleo de Biologia Aplicada, Caixa Postal 151 Sete Lagoas - MG, 35701-970. e-mail: fenc@correoweb.com

A toxidez de alumínio é um dos principais problemas responsáveis pela baixa produtividade de milho em solos ácidos. A possibilidade de dissecar caracteres herdados quantitativamente em fatores mendelianos simples, apresenta-se como uma metodologia eficiente para mapear os possíveis QTLs e para aumentar a eficiência da seleção em programas de melhoramento genético. Neste sentido, o presente trabalho foi realizado com o objetivo de identificar e mapear QTLs associados com a tolerância ao alumínio em milho. Uma população segregante constituída de 168 famílias $F_{3:4}$ provenientes do cruzamento entre duas linhagens contrastantes foi utilizada no mapeamento. As linhagens L53 e L1327 são consideradas como padrões de suscetibilidade e tolerância à toxidez de alumínio, respectivamente. A avaliação fenotípica das famílias segregantes foi realizada em solução nutritiva contendo 6 ppm de Al^{+3} , utilizando o comprimento líquido (CLRS) e o comprimento relativo da raiz seminal (CRRS) como índices fenotípicos. O experimento foi delineado em blocos casualizados, onde cada família estava constituída por três repetições de 14 plantas, utilizando-se o híbrido simples (L36 x L723), suscetível ao alumínio como testemunha. Inicialmente, 228 *primers* SSR e 25 sondas de RFLP distribuídos ao longo de todo o genoma de milho foram avaliados entre as linhagens parentais, o F_1 e os dois *bulks* tolerantes e suscetíveis, aqueles que apresentaram polimorfismos de interesse foram aplicados em toda a população para as análises de mapeamento. Por meio das análises de regressão simples e múltipla, cinco marcadores explicaram 45,2% da variação fenotípica para o índice CLRS. Os marcadores foram mapeados em F_3 utilizando um procedimento descrito por Schuster (comunicação pessoal) e as informações do mapa foram utilizadas para o mapeamento por intervalo e por intervalo composto, aumentando a precisão e a resolução do QTL. Tais resultados indicaram a existência de regiões genômicas associadas com a tolerância ao alumínio localizadas cromossomo 1, na posição 1,07, na extremidade do braço curto do cromossomo 6 e no cromossomo 8. Suporte Financeiro: CAPES, CNPq, PRONEX-FINEP