

AUMENTO DA TOLERÂNCIA AO ALUMÍNIO EM LINHAGENS ELITES DE MILHO CONFERIDO PELA INTROGRESSÃO DO ALELO SUPERIOR DO GENE ZMMATE1

Melhoramento assistido, toxidez de alumínio, marcador molecular

Apolinário, LC¹; Barros, BA²; Pinto, MO²; Magalhães, JV²; Guimarães, LJM²; Guimarães, FFM³; Guimarães, CT²

¹Bolsista Fapemig - Embrapa - Faculdade Ciências da Vida, Sete Lagoas, MG; ²Embrapa Milho e Sorgo, Caixa Postal 151, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG; Bolsista CNPq-Embrapa, Faculdade Ciências da Vida, A. Prefeito Alberto Moura, 12632, CEP 35702-383, Sete Lagoas, MG.

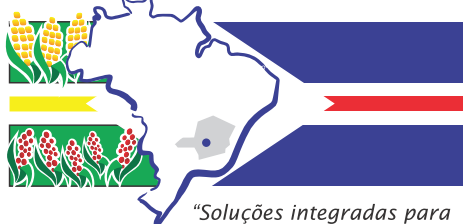
A toxicidade causada pelo alumínio (Al constitui uma importante limitação ao cultivo de milho em regiões do planeta onde os solos são caracterizados como ácidos. A baixa produtividade deste cereal neste tipo de solo pode ser explicada pela presença da forma tóxica do alumínio (Al³⁺ que, quando em contato com as raízes, inibe o crescimento radicular, restringindo a absorção de água e nutrientes. Embora a calagem e a gessagem contribuam para mitigar os problemas inerentes a toxicidade por Al, tais práticas apresentam limitações técnicas e econômicas. Assim, torna-se necessária a busca por novas alternativas capazes de aumentar a produtividade do milho em solos ácidos. Apesar de a tolerância ao Al em milho ser uma característica de herança complexa, o gene ZmMATE1 explica em torno de 30% da variação fenotípica em uma população segregante e a sua introgressão foi capaz de dobrar a tolerância ao Al em linhagens isogênicas de milho. Nesse contexto, o presente estudo objetivou a caracterização fenotípica e molecular de pares de linhagens elites de milho com diferentes backgrounds genéticos introgridas com o gene ZmMATE1. A tolerância ao Al das linhagens foi avaliada pelo crescimento relativo da raiz seminal (CRRS em solução nutritiva com e sem [39] µM de atividade de Al em câmara de crescimento. A presença do alelo superior do gene ZmMATE1 foi confirmada por PCR quantitativo em tempo real (qPCR no ápice radicular. As linhagens elites de milho L3, 521529, 262841⁻¹⁻⁴⁻¹ e 2841 foram selecionadas por pertencerem a diferentes grupos heteróticos e por apresentarem diferentes níveis basais de tolerância ao Al (CRRS variando de 0,35 a 0,61. A introgressão do gene ZmMATE1 aumentou de 26 a 50% do CRRS, em relação à respectiva linhagem original, atingindo altos níveis de tolerância (CRRS de 0,46 a 0,89. Todas as linhagens introgridas apresentaram alta expressão do gene ZmMATE1 no ápice radicular em presença do Al, confirmando que a presença do alelo superior do ZmMATE1 conferiu ganhos diferenciais na tolerância ao Al, independente do nível basal de tolerância da linhagem recorrente. Espera-se que esses ganhos em solução nutritiva sejam convertidos em aumento na produção grãos, considerando as potencialidades dessas raízes em explorar camadas mais profundas do solo. Com isso, o gene ZmMATE1 possui amplas possibilidades para utilização em programas de melhoramento assistido visando o aumento da produtividade e da estabilidade de produção de milho em solos ácidos.

1.757

Agência(s) de Fomento: FAPEMIG



XXXII CONGRESSO NACIONAL
DE MILHO E SORGO



*"Soluções integradas para
os sistemas de produção
de milho e sorgo no Brasil"*

10 a 14

de setembro de 2018

UFLA, LAVRAS/MG



RESUMOS

XXXII Congresso Nacional de Milho e Sorgo

