

## **ASSOCIAÇÃO DE ESTRATÉGIAS GENÉTICO-MOLECULARES NA VALIDAÇÃO DE QTLs DE TOLERÂNCIA AO ALUMÍNIO EM MILHO**

Claudia T. Guimarães<sup>1</sup>, Jurandir V. Magalhães<sup>1</sup>, Silvia N. Jardim<sup>1</sup>, Ramon V. Almeida<sup>1</sup>, Lyza Maron<sup>2</sup>, Sidney N. Parentoni<sup>1</sup>, Vera M.C. Alves<sup>1</sup>, Ubiraci G.P. Lana<sup>1</sup>, Owen Hoekenga<sup>2</sup>, Edilson Paiva<sup>1</sup>, Leon Kochian<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG

<sup>2</sup> U.S. Plant Soil and Nutrition Laboratory, USDA-ARS, Cornell University, Ithaca, NY 14853;

Dentre os fatores limitantes para a produção agrícola em solos ácidos, podemos destacar a toxidez de alumínio (Al), que restringe o desenvolvimento radicular e, conseqüentemente, a capacidade de absorção de água e nutrientes pelas plantas. A Embrapa Milho e Sorgo tem se mostrado pioneira na identificação de germoplasma tolerante ao Al nessas espécies, etapa fundamental para o desenvolvimento de genótipos adaptados aos solos ácidos, que é uma solução agro-ecológica altamente sustentável. A tolerância ao Al é uma característica de herança quantitativa em milho, ao passo que em sorgo é controlada por um ou poucos genes, cujo principal deles foi clonado por essa equipe. Devido às evidências de conservação genômica entre gramíneas, o mapeamento comparativo e de QTLs juntamente com outras estratégias moleculares têm sido aplicados com sucesso na identificação e validação de regiões genômicas associadas com a tolerância ao Al em milho. Dois QTLs de efeito maior foram mapeados e apresentam evidências de co-localização com membros da família multigênica, homólogos ao gene de tolerância ao Al em sorgo (*Alt<sub>SB</sub>*). Tais resultados poderão levar à identificação desses genes de tolerância e à utilização de seleção assistida por marcadores para direcionar a introgressão e a piramidação dessas regiões em linhagens elites de milho. Considerando a experiência da equipe, as possibilidades de sucesso são grandes, com impactos positivos na sustentabilidade agrícola em solos ácidos tropicais.

## **ASSOCIATION OF MOLECULAR STRATEGIES TO VALIDATE ALUMINUM TOLERANCE QTLs IN MAIZE**

Among the limiting factors for crop production in acid soils, aluminum toxicity can be highlighted, which reduces root growth, and consequently, water and nutrient uptake. Embrapa Maize and Sorghum has leading the identification of Al tolerant germoplasm within these species, a key step to develop cultivars well adapted to acid soils, which is a sustainable solution for agriculture and environment. Al tolerance is a quantitative trait in maize, whereas in sorghum it is controlled by a single or few genes, of which the major gene was cloned by this group. Due to the evidences of genomic conservation among grasses, comparative and QTL mapping together with other molecular strategies have been applied successfully to identify and validate genomic regions associated with Al tolerance in maize. Two major QTL were mapped and showed evidences of co-localization with members of a multigene family, homologous to the sorghum Al tolerance gene (*Alt<sub>SB</sub>*). These results would lead to the identification of maize Al tolerance genes as well as to the application of marker-assisted selection to transfer these genomic regions maize inbred lines. Considering the experience of this team, the probabilities of success are high, with positive impacts in the sustainable crop production in acid soils.