

PROGRAMA DE RETROCRUZAMENTO ASSISTIDO POR MARCADORES MOLECULARES VISANDO A OBTENÇÃO DE LINHAGENS ISÔGENICAS PARA QTLs DE TOLERÂNCIA AO ALUMÍNIO EM MILHO

Carlos Fasane da Silva Tinoco¹, Marcelo Rabel², Ubiraci Gomes de Paula Lana³, Jurandir Vieira de Magalhães⁴, Sidney Netto Parentoni⁴, Lauro José Moreira Guimarães⁴, Claudia Teixeira Guimarães⁴

¹Estudante da UNIFEMM, bolsista FAPEMIG; ²Estudante de Pós Graduação, bolsista FAPEMIG; ³Analista da Embrapa Milho e Sorgo; ⁴Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo

Resumo: O milho é um cereal de grande importância econômica e social. Seu cultivo ocorre praticamente em todas as regiões agrícolas do mundo, sendo utilizado para a alimentação humana, animal e, mais recentemente, como fonte de biocombustível. Dentre os fatores que contribuem para a baixa produtividade dessa cultura, destaca-se a toxidez causada pelo Al, intrínseca aos solos ácidos predominantes nas regiões agrícolas tropicais, influenciando negativamente a estabilidade da produção. Assim, o presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de acelerar o desenvolvimento de linhagens isogênicas para os QTLs de tolerância ao Al tóxico em milho. Dois QTLs de efeito maior associados com a tolerância ao alumínio foram mapeados em uma população de 118 linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) de milho. Dentre as linhagens recombinantes, foram selecionadas duas delas apresentando mais de 50% do genoma da linhagem recorrente (L53) e apenas um dos QTLs de interesse. Após o cruzamento com a linhagem L53, foi realizado um ciclo de retrocruzamento (RC₁) assistido por marcadores flanqueando os QTLs de efeito maior para tolerância ao Al. Entre 90 e 50 plantas de cada cruzamento foram genotipadas, sendo selecionados os indivíduos RC₁ heterozigotos para os genes candidatos e homozigotos (L53) para os marcadores SSRs flanqueando os QTLs. Adicionalmente, indivíduos RC₁ apresentando os QTLs de interesse foram cruzados para viabilizar a piramidação dos mesmos. Os indivíduos RC₂ estão plantados e serão novamente genotipados com os marcadores distribuídos ao longo do genoma para aumentar a recuperação do genoma recorrente e acelerar a geração das linhagens semi-isogênicas. As linhagens semi-isogênicas serão estoques genéticos essenciais para estudos avançados de fisiologia e biologia molecular visando a elucidação de mecanismos e de fatores genéticos responsáveis pela tolerância ao alumínio em milho.

Palavras-chave: *Zea mays* L., tolerância ao Al, retrocruzamento assistido