

Mapeamento de QTLs Associados com Tolerância ao Alumínio em Milho¹

Roberta Graciela Nogueira Guimarães², Carlos Fasane da Silva Tinoco³, Jurandir Vieira de Magalhães⁴, Claudia Teixeira Guimarães⁴

¹ Trabalho financiado pelo Generation Challenge Programme, CNPq, FAPEMIG, Embrapa

² Estudante do Curso de Agronomia da Univ. Fed. de São João del-Rei, Bolsista PIBIC do Convênio CNPq - Embrapa

³ Estudante do Curso de Ciências Biológicas do Centro Universitário, UNIFEMM, Bolsista FAPEMIG

⁴ Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo

Introdução

A maior limitação ao uso agrícola dos solos do cerrado é a alta acidez, normalmente associada com altas saturações de alumínio (Al) e baixa fertilidade natural, o que acarreta uma baixa produtividade das culturas. Em geral, a calagem corrige a camada superficial, mas níveis médios e altos de acidez ainda são encontrados na camada subsuperficial (FARINA; CHANON, 1988). Como o efeito principal da toxidez de alumínio é inibir o crescimento radicular, impedindo a planta de obter água e nutrientes em profundidade, o parâmetro que tem sido utilizado para identificar a tolerância à toxidez de alumínio é a relação entre o crescimento líquido, após cinco dias em solução nutritiva contendo alumínio, e o crescimento líquido das raízes em condições controle, sem Al (MARON et al., 2010).

Uma estratégia utilizada para superar tais limitações seria o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e que apresentem maior adaptabilidade nessas condições. Assim, a identificação de regiões genômicas associadas com a tolerância ao Al pode oferecer alvos para serem utilizados em programas de melhoramento assistido. A tolerância ao Al em milho apresenta herança quantitativa sob controle de um número reduzido de genes (MAGNAVACA et al., 1987; LIMA et al., 1995). Concordando com tais resultados, Ninamango-Cárdenas et al. (2003) mapearam cinco QTLs de tolerância ao Al, sendo que apenas aquele localizado no bin 6.00 foi coincidente com os estudos de Sibov et al. (1999). Recentemente, Maron et al. (2010) identificaram dois genes candidatos, *ZmMATE1* e *ZmMATE2*, que colocalizaram com dois QTLs de efeito maior na população de RILs derivada do cruzamento entre Cateto Al237 e L53.

O objetivo do presente trabalho será identificar novas regiões genômicas associadas com a tolerância ao Al em uma população F2:3 derivada do cruzamento de linhagens altamente contrastantes originadas do Quênia, representando um germoplasma até então inexplorado do ponto de vista molecular.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido em câmara de crescimento com temperatura controlada entre 25 e 27 °C e com umidade entre 75%. Foram utilizadas 180 famílias F2:3 derivadas do cruzamento entre 203B-14 e SCH3, duas linhagens do Quênia. A linhagem 203B-14 apresenta alta tolerância ao Al, equivalente à tolerância do controle Cateto Al237/67. Já a SCH3 é uma linhagem com atributos agronômicos para o programa de melhoramento do Quênia e possui sensibilidade ao Al semelhante à L53, utilizada como controle sensível. Para a desinfecção das sementes utilizaram-se 50 ml de cloro ativo a 4,6% para 1000 ml de água destilada sob agitação por 5 min seguida de oito lavagens com água destilada. A germinação foi realizada em papel de germinação por três dias. Após 24 horas na solução de Magnavaca et al. (1987) pH 4,0 sem Al, foi realizada a medição do comprimento inicial da raiz seminal (CIRS). As plântulas foram então transferidas para bandejas contendo o tratamento com 39 µM de atividade de Al e para a condição controle, sem Al. O comprimento final das raízes (CIRS) foi medido após cinco dias para a obtenção dos valores de Crescimento Relativo da Raiz Seminal (CRRS), que foi calculado dividindo (CFRS-CIRS) com Al pelo (CFRS-CIRS) sem Al. O experimento foi realizado em delineamento inteiramente casualizado com testemunhas intercalares, três repetições e cada parcela foi constituída por sete plântulas.

A população F2:3 foi genotipada com 182 marcadores do tipo SNP, que juntamente com os dados fenotípicos serão utilizados para identificar regiões genômicas associadas com a tolerância ao Al. As análises estatísticas dos dados fenotípicos e as associações com os dados moleculares utilizando modelos de regressão linear simples e múltipla serão realizadas com auxílio do programa GenStat v.14.

Resultados e discussão

A população em estudo já foi avaliada quanto ao comprimento de raiz associado à tolerância ao Al. Os cálculos do comprimento relativo da raiz seminal estão em andamento. Em breve serão realizadas as análises estatísticas dos dados fenotípicos e as associações com dados moleculares.

Como os parentais da população são altamente contrastantes para a tolerância ao Al e possuem um *background* genético diferente daqueles avaliados como fontes de tolerância até então, espera-se que sejam identificados novos QTLs. No entanto, algumas regiões genômicas devem ser constitutivamente expressas em diferentes materiais genéticos. Tais informações serão importantes para determinar regiões genômicas úteis para serem utilizadas em programas de melhoramento no Quênia, visando o aumento da tolerância ao Al em milho.

Agradecimentos

Agradecemos ao Generation Challenge Programme, CNPq, FAPEMIG e Embrapa pelo apoio.

Referências

- ALVES, V. M. C.; PITTA, G. V. E.; OLIVEIRA, C. A. de; FRANCA, C. C. M.; PARENTONI, S. N. Absorção de nitrato e de amônio por genótipos de milho crescidos na presença e ausência de alumínio. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22., 1998, Recife. **Globalização e segurança alimentar**: anais. Recife: IPA, 1998. 1 CD-ROM.
- BAHIA FILHO, A. F. C.; FRANÇA, G. E.; PITTA, G. V. E.; MAGNAVACA, R.; BAHIA, F. G. F. T. C. Avaliação de linhagens e populações de milho em condições de elevada acidez. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 11., 1976, Piracicaba. **Anais**. Piracicaba: ESALQ, 1978. p. 51-58.
- FARINA, M. P. W.; CHANNON, P. Acid-subsoil amelioration. 11. Gypsum effects on growth and subsoil chemical properties. **Soil Science Society of America Journal**, Madison, v. 52, p. 175-180, 1988.
- LIMA, M.; MIRANDA-FILHO, J. B.; FURLANI, P. R. Diallel cross among inbred lines of maize differing in aluminum tolerance. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 18, n. 4, p. 579-584, 1995.
- MAGNAVACA, R.; GARDNER, C. O.; CLARK, R. B. Inheritance of aluminum tolerance in maize. In: GABELMAN, H. W.; LOUGHMAN, B. C. (Ed.). **Genetic aspects of plant mineral nutrition**. Dordrecht : Martinus Nijhoff, 1987. p. 201-212.
- MARON, L. G.; PINEROS, M.; GUIMARÃES, C. T.; MAGALHÃES, J. V.; PLEIMAN, J.; MAO, C.; SHAFF, J.; BELICUAS, S. N. J.; KOCHIAN, L. V. Two functionally distinct members of the MATE (multidrug and toxic compound extrusion) family of transporters potentially underlie two major Al tolerance QTL in maize. **Plant Journal**, Oxford, v. 61, p. 728-740, 2010.
- NINAMANGO-CÁRDENAS, F. E.; GUIMARÃES, C. T.; MARTINS, P. R.; PARENTONI, S. N.; CARNEIRO, N. P.; PAIVA, E. Mapping QTLs for aluminum tolerance in maize. **Euphytica**, Wageningen, v. 130, p. 223-232, 2003.
- SIBOV, S. T.; GASPAR, M.; SILVA, M. J.; OTTOBONI, L. M. M.; ARRUDA, P.; SOUZA, A. P. Two genes control aluminum tolerance in maize: Genetic and molecular mapping analyses. **Genome**, Ottawa, v. 42, p. 475-482, 1999.