

from Northern blots. Sequencing projects with a genomic approach, such as the SUCEST, are producing large quantities of sequences and allowing the identification of a great number of genes in a relatively short time. A major challenge for the coming decades is the functional analysis of this large set of genes. Our results indicated that the hybridization of high density membranes containing sugar cane ESTs with heterologous probes from maize, extends the reach of SUCEST project to other species of agronomic interest. Technical Support: FAPESP, PADCT, CEE.

**GMV045 - MAPPING OF MAJOR QTLs ASSOCIATED WITH WITCHES' BROOM RESISTANCE IN COCOA.** QUEIROZ, V.T.<sup>1</sup>; GUIMARÃES, C.T.<sup>2</sup>; ANHERT, D.<sup>3</sup>; MOTA, J.W.S.<sup>1,4</sup>; PEREIRA, M.G.<sup>5</sup>; DAHER, R.F.<sup>5</sup>; MIRANDA, V.R.M.<sup>5</sup>; BARROS, E.G.<sup>1</sup>; MOREIRA, M.A.<sup>1</sup> <sup>1</sup>BIOAGRO/DBG/DBB – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa MG 36571-000; <sup>2</sup>EMBRAPA Milho e Sorgo, CP 151, Sete Lagoas, MG 35701-970; <sup>3</sup>Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus BA; <sup>4</sup>CEPLAC - ESJOH, Belém PA 66000-000; <sup>5</sup>CCTA - Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacases RJ.

Witches' broom disease, caused by the fungus *Crinipellis perniciosa*, is the main limiting factor for cocoa production in South America, Central America and Caribbean Islands. In Brazil, the disease is the most devastating pest widely spread in almost all cocoa production regions, causing serious economic, social and ecological damages. The aim of this study was to construct a molecular marker-based cocoa genetic linkage map and to identify genomic regions associated with resistance to witches' broom. The mapping population analyzed was 82 F<sub>2</sub> individuals derived from a cross between Scavina-6 (resistant) and ICS-1 (susceptible). Number of vegetative witches' brooms per plant was used as phenotypic index to evaluate the levels of susceptibility and resistance. Phenotypic evaluation was determined as an average of six evaluations performed at field conditions between May, 1998 and August, 1999 at CEPEC/CEPLAC, BA, Brazil. A total of 201 RAPD and 90 AFLP markers was generated in the segregating population, and 193 DNA markers (124 RAPD and 69 AFLP) were mapped along 25 linkage groups covering a distance of 1,713 cM. Linkage analysis was determined with LOD > 4.0 and recombination frequency < 0.3 using MapMaker/EXP 3.0. Single and multiple regression models using stepwise elimination detected four markers significantly ( $P < 0.001$ ) associated with resistance to witches' broom. These markers together explained 69.3% of the phenotypic variation. Three of them derived from Scavina-6 (linkage group 11) and one came from the susceptible progenitor (ICS-1). Interval and composite interval mapping models improved the QTL mapping resolution and accuracy, identifying two genomic regions highly associated with witches' broom resistance

spanning around 27 cM in the Scavina-6 linkage group 11. This is the first report on the mapping of genomic regions related to resistance to witches' broom in cocoa, that can be used to develop a marker assisted breeding selection program in cocoa. Financial Support: CNPq, CAPES, BNB and CEPLAC/CEPEC - Bahia.

**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](mailto: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<sub>3,4</sub> 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<sup>+3</sup>, 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<sub>1</sub> 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<sub>3</sub> 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