



## MAPEAMENTO DE ALTA RESOLUÇÃO DO GENE DE TOLERÂNCIA AO ALUMÍNIO *ALT<sub>SB</sub>* EM SORGO

<sup>1</sup>Carvalho, DC; <sup>1</sup>Lana, UGP; <sup>1</sup>Bahia, GS; <sup>1</sup>Guimarães, CT; <sup>1</sup>Alves, VMC; <sup>1</sup>Schaffert, RE; <sup>2</sup>Wang, Y; <sup>3</sup>Klein, PE;  
<sup>2</sup>Kochian, LV; <sup>1</sup>Magalhães, JV

<sup>1</sup>Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas – MG, 35701-970; <sup>2</sup>U.S. Plant Soil and Nutrition Laboratory, USDA -ARS, Cornell University, Ithaca, New York 14853; <sup>3</sup>Institute for Plant Genomics and Biotechnology, and Department of Biochemistry and Biophysics, Texas A&M University, College Station, Texas 77843. Embrapa Milho e Sorgo [jurandir@cnpmis.embrapa.br](mailto:jurandir@cnpmis.embrapa.br)

Palavras-chave: Sorgo, tolerância ao alumínio, mapeamento de alta resolução.

A toxidez de alumínio (Al) é uma das mais sérias limitações agrícolas em solos ácidos, que ocupam aproximadamente 40% da área de solos potencialmente aráveis no mundo. Em condições de pH baixo (pH 4 - 5), o Al<sup>+3</sup> é solubilizado na solução do solo, sendo encontrado em formas iônicas que exercem efeito altamente fitotóxico. A dramática inibição do crescimento radicular causada por Al<sup>+3</sup> resulta em um sistema radicular superficial, que, restringindo a absorção de água e nutrientes, ocasiona perdas expressivas de produtividade em solos ácidos. Um estudo genético-molecular prévio da tolerância ao Al em sorgo foi realizado em populações F<sub>2</sub> e F<sub>2,3</sub> derivadas da linhagem padrão de tolerância SC283. Os dados de herança indicaram a ocorrência de um gene maior de tolerância nessa linhagem (*Alt<sub>SB</sub>*), tendo sido posteriormente obtida a localização cromossômica desse gene. No presente trabalho, serão descritos os progressos obtidos para a clonagem posicional ("positional cloning") do gene *Alt<sub>SB</sub>* por meio de mapeamento genético de alta resolução. Para tanto, está sendo utilizada uma população de 367 linhagens recombinantes (F7), derivadas do cruzamento de SC283 com uma linhagem sensível ao Al. Genes de arroz localizados na região sintênica àquela do gene *Alt<sub>SB</sub>* em sorgo estão sendo convertidos em marcadores STS ("Sequenced-tagged sites"), polimórficos na população BR007 x SC283. Por meio de um seqüenciador automático de DNA, foram genotipados até o momento quatro marcadores STS ligados ao gene *Alt<sub>SB</sub>*. Portanto, a posição cromossômica desses marcadores em sorgo encontrou-se conservada em relação ao arroz. Com o uso dessa população de alta resolução genética, espera-se identificar marcadores STS ligados ao gene de tolerância a uma distância física compatível com a identificação, no mapa físico de sorgo, de um BAC ("Bacterial Artificial Chromosome") contendo o gene *Alt<sub>SB</sub>*. Seguir-se-á a sub-clonagem e o sequenciamento desse BAC, para identificação de genes candidatos.

Apoio financeiro: The Mcknight Foundation – Collaborative Crop Research Program