

ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMOS NO GENE *ZmMATE1* COM A TOLERÂNCIA AO ALUMÍNIO EM GENÓTIPOS DE MILHO DE AMPLA DIVERSIDADE^(*)

Gabriela Stefane Barbosa Mendes⁽¹⁾, Rayanne Pereira de Oliveira⁽²⁾, Beatriz de Almeida Barros⁽³⁾, Marcos de Oliveira Pinto⁽⁴⁾, Jurandir Vieira de Magalhães⁽⁵⁾ e Claudia Teixeira Guimarães⁽⁶⁾

Palavras-chave: *Zea mays*, toxidez de alumínio, MATE, SNP.

O milho é uma cultura estratégica no Brasil, cuja média de produtividade está abaixo do seu potencial produtivo. A região agrícola brasileira possui uma prevalência de solos ácidos, onde a presença das formas iônicas do alumínio (Al) na solução do solo danifica o sistema radicular, limitando a absorção de água e nutrientes, que, conseqüentemente, reduzem o desenvolvimento das plantas. A tolerância ao Al é uma característica de herança quantitativa em milho, onde o gene *ZmMATE1* controla em torno de 30% da variância fenotípica. O alelo do gene *ZmMATE1* que confere tolerância ao Al possui expressão induzida pelo Al no ápice radicular, está organizado em três cópias e possui um SNP na região promotora. Como esse alelo é raro, o objetivo do trabalho foi explorar linhagens elites e acessos do banco de germoplasma quanto aos polimorfismos no gene *ZmMATE1* e a tolerância ao Al. Um total de 80 genótipos de milho foram caracterizados quanto à tolerância ao Al em solução nutritiva, genotipados para o SNP na região promotora do gene e tiveram a expressão e o número de cópias do gene *ZmMATE1* quantificados por PCR em tempo real. Os resultados revelaram um grupo de duas linhagens e três acessos da raça Cateto altamente tolerantes ao Al, com alta expressão, SNP T na região promotora e três cópias do gene *ZmMATE1*, indicando uma prevalência do alelo superior desse gene na raça Cateto. Outros três genótipos apresentaram o alelo superior do gene *ZmMATE1* com alta tolerância ao Al. No entanto, duas linhagens com alta tolerância ao Al apresentaram o alelo sensível do gene *ZmMATE1*, indicando a existência de outros mecanismos de tolerância. A tolerância ao Al foi correlacionada com a expressão do gene *ZmMATE1* ($r = 0,58$). Apesar de todos os genótipos com três cópias terem apresentado alta expressão do gene *ZmMATE1* e alta tolerância ao Al, 17 linhagens apresentaram alta expressão do gene, tolerância intermediária, mas apenas uma cópia do *ZmMATE1*. Assim, os resultados confirmam que o gene *ZmMATE1* é responsável por uma porção significativa da tolerância ao Al em milho, cujo principal mecanismo de controle da expressão é por meio da presença de três cópias em tandem. No entanto, outros mecanismos de controle da expressão do gene existem e precisam ser estudados, uma vez que são mais frequentes na espécie. Adicionalmente, novas fontes de tolerância ao Al foram identificadas, que podem ser alvos para busca de novos genes de tolerância ao Al e para a piramidação de mecanismos visando atingir novos patamares de tolerância em milho.

* Fonte financiadora: FAPEMIG (RED00053-16), CAPES, CNPq e Embrapa

⁽¹⁾ Biotecnologista, Bolsista mestrado, Universidade federal de São João del Rei, São João del Rei, MG. E-mail: gabrielbarbosa.sm@gmail.com

⁽²⁾ Bióloga, Bolsista da Fapad/Fapemig, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG.

⁽³⁾ Bióloga, Analista, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG.

⁽⁴⁾ Bioquímico, Analista, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG.

⁽⁵⁾ Agrônomo, Pesquisador, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG.

⁽⁶⁾ Agrônoma, Pesquisadora, Embrapa Milho e Sorgo, Rodovia MG 424, Sete Lagoas, MG. E-mail: claudia.guimaraes@embrapa.br