

O alumínio (Al) é um metal abundante na crosta terrestre. A acidez dos solos o disponibiliza em sua forma trivalente, o que causa toxidez, limitando o crescimento e, conseqüentemente, o rendimento das plantas. Em aveia branca, através do melhoramento, foram desenvolvidas cultivares consideradas tolerantes ao alumínio, entretanto, os mecanismos que conferem tolerância, ainda não foram totalmente elucidados. Através de técnicas de biologia molecular, têm-se buscado o esclarecimento dos mecanismos utilizados pela aveia. O presente trabalho tem como objetivo a identificação de QTLs associados à tolerância ao alumínio, bem como a identificação em aveia de genes ortólogos àqueles importantes na tolerância de outras espécies. Para identificação de QTLs, utilizou-se os genótipos UFRGS 17 (tolerante) e UFRGS 930598 (sensível) e 153 linhagens recombinantes originadas do cruzamento destes genótipos e previamente fenotipadas quanto à tolerância. Sementes foram descascadas, desinfestadas e germinadas em ausência de luz durante 7 dias. As plântulas foram coletadas, congeladas e liofilizadas. Após, foi realizada a extração do DNA seguindo o protocolo de extração de DNA vegetal para DarT. O DNA obtido foi utilizado para genotipagem com 960 marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP), gerados a partir da plataforma Illumina, e escolhidos por serem os mais polimórficos no painel de diversidade de aveia. Mapas de ligação foram construídos a partir dos Softwares Multipoint e Mapmarker. Utilizando o mapa genético consenso de aveia como base, se construiu o mapa final. Após a construção do mapa, foram identificados QTLs para a tolerância ao alumínio, usando dados fenotípicos produzidos em campo e em laboratório via análise de intervalo composto. Um QTL principal foi identificado no grupo de ligação 1, e cinco QTLs menores nos grupos de ligação 1, 2, 5, 6 e 10. A busca por genes ortólogos foi realizada através da comparação de sequência de genes identificados em outras espécies com o banco de ESTs de aveia do USDA. As sequências obtidas foram alinhadas e comparadas através do programa Geneious e para as regiões conservadas foram desenhados oligonucleotídeos iniciadores. O DNA dos genótipos UFRGS17 e UFRGS 930598 foi novamente obtido e utilizado em reações de PCR na tentativa de obter as sequências em aveia. Amplicons foram obtidas para ambos os pais utilizando os iniciadores desenhados para *ALMT1*. Estes amplicons foram clonados e enviados para sequenciamento. No genótipo UFRGS 17 a sequência completa foi obtida, porém, no genótipo UFRGS 930598 a sequência é parcial, o que impede a comparação entre as mesmas.