

IDENTIFICAÇÃO DE QTLs ASSOCIADOS COM A RESISTÊNCIA DE TRIGO A *Magnaporthe oryzae*

Jéssica Rosset Ferreira¹; Gabriela Andriolio Camilotti²; Hebert Hernán Soto-González³; Caroline Turchetto³; Luciano Consoli⁴; Gisele Abigail Montan Torres^{4,5}; Carolina Cardoso Deuner⁶; Sandra Maria Mansur Scagliusi⁴; José Maurício Cunha Fernandes⁴

¹Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade de Passo Fundo (UPF), Bolsista Capes. ²Acadêmica do curso de Biologia, UPF, Bolsista CNPq-PIBIC. ³Pós-doutorando(a) PNPd-CNPq. ⁴Pesquisador(a) da Embrapa Trigo. ⁵Co-orientadora. ⁶Professora do Programa de Pós-Graduação em Agronomia UPF, orientadora.

Tem sido crescente o número de genótipos de trigo identificados como resistentes a *Magnaporthe oryzae*, agente causal da brusone. Apesar disso, pouco ainda se sabe sobre as bases genéticas da resistência. Com o intuito de desenvolver estudos genéticos e de mapeamento de genes e/ou QTLs de resistência, foi desenvolvida uma população de linhagens duplo-haploides de trigo, a partir do cruzamento de genótipos contrastantes quanto à velocidade de branqueamento da espiga, a cultivar BRS 209 (suscetível) e o trigo sintético CBFusarium ENT014 (resistente). Foram desenvolvidas 134 linhagens a partir da cultura de micrósporos. O objetivo desse trabalho foi identificar QTLs associados à resistência de trigo ao patógeno, em resposta ao isolado Py 6025, inoculado sob condições de ambiente controlado. Os parentais e entre 49 e 73 das linhagens foram caracterizadas quanto às variáveis: comprimento da espiga (Cesp_cm), severidade de brusone (Sev_FB), tipo de lesão predominante na folha bandeira (TL_FB), número de pontos de infecção na ráquis (pir). As variáveis número de grãos (NG), peso de grãos por espiga (PG_g) e peso médio do grão (PMG_mg) foram obtidas nas condições de inoculação e controle. Os parentais e 108 linhagens duplo-haploides foram genotipados com o chip Affymetrix de 35 mil SNPs. O mapa de ligação foi construído utilizando o software IciMapping v4.1. Os QTLs foram detectados através do método de mapeamento de intervalo composto inclusivo. Foram identificadas 8.358 marcas polimórficas entre os parentais, das quais 1.122 foram alocadas em 21 grupos de ligação no mapa totalizando 6.598,77 cM. Os valores de herdabilidade variaram entre 0,86 e 0,97. Não foi identificado QTL apenas para Sev_FB. Ao todo, foram identificados 37 QTLs com LOD>3, podendo-se destacar: 27 QTLs para TL_FB explicando em média 3,5% da variação fenotípica e três QTLs para pir mapeados nos cromossomos 2A, 5B e 7B, explicando entre 11,7% e 46,6% da variação fenotípica.

Palavras-chave: brusone, mapeamento genético, genotipagem.

Apoio: Embrapa (Wheat BGI n 02.08.01.006.00.00; WheatBGI n2 02.11.08.004.00.00); CNPq (560550/2010-3); Capes-Embrapa; CNPq-PIBIC (45125/2016-5); PNPd-CNPq (159540/2010-0; 105818/2015-1).