

Mapeamento de QTLs de características sob influência da ferrugem asiática da soja

Santos, JVM dos^{1,3}; Passianotto, ALL^{1,3}; Yamanaka, N²; Arias, CAA^{1,3}; Abdelnoor, RV^{1,3}

¹ Programa de Mestrado e Doutorado em Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Londrina – UEL

² Japan International Research Center for Agricultural Sciences - JIRCAS, Japão

³ Laboratório de Biotecnologia Vegetal e Bioinformática, Empresa Brasileira de Pesquisa em Agropecuária - Embrapa Soja
jv_maldonado@hotmail.com

Palavras-chave: *Glycine max*, *Phakopsora pachyrhizi*, resistência poligênica, mapa genético, microssatélites, grupos de ligação.

Introdução: A ferrugem asiática da soja, causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi* (Syd. & P.Syd.), é um dos principais fatores bióticos causadores de prejuízos de redução do potencial sobre a cultura da soja, podendo causar redução de produtividade superiores a 75%. Hoje, sabe-se que uma das formas mais eficazes de controle da doença é através da resistência genética. Devido à baixa durabilidade de genes de resistência vertical, estudos para o desenvolvimento de linhagens com genes de resistência horizontal são de extrema importância. Assim, objetivou-se neste trabalho identificar QTLs em soja para características agronômicas sob influência da ferrugem asiática. **Métodos:** 83 marcadores de microssatélites e 2 marcadores morfológicos foram utilizados para a construção de um mapa genético em uma população de linhagens endogâmicas recombinantes (RILs). Ao mesmo tempo, foram feitas avaliações fenotípicas para várias características correlacionadas a doença nas RILs sob ação do patógeno em campo experimental da Embrapa Soja e em fitotron no Japão, a fim de buscar QTLs relacionados à resistência horizontal ao patógeno, e também para verificar a existência de linhagens com maior nível de resistência à doença. **Resultados:** Uma cobertura parcial de 1.023,5 cM do genoma da soja foi obtida em 19 grupos de ligação. Foram detectados 17 QTLs que possam estar contribuindo para a resistência horizontal à doença, sendo a maior parte deles localizados no grupo C2 e L. Grande parte dos QTLs observados possui efeito pleiotrópico para mais de uma característica analisada, fato constatado através de análises de correlação entre as características estudadas. Foram selecionadas 16 linhagens que apresentaram as melhores características sob ação da ferrugem asiática da soja. Para algumas características, verificou-se a existência de segregação transgressiva, já que neste caso os genes estavam dispersos entre os parentais. **Conclusão:** Os dados gerados poderão contribuir para o programa de melhoramento contra a doença. O mapa gerado também pode servir para detecção de outros QTLs relacionados a outras características de grande interesse agrônomico, já que ambas as cultivares que foram cruzadas possuem resistência a várias outras doenças. **Apoio Financeiro:** Embrapa, JIRCAS, Capes e Finep.