

Introgessão assistida por marcadores moleculares para a resistência ao mosaico comum em milho

Santos, FAD¹; Pena, GC¹; Abreu, CS¹; Lana, UGP²; Sabato, EO²; Guimarães, PEO²; Pacheco, CAP²; Guimarães, LJM²; Parentoni, SN²; Guimarães, CT²; Souza, IRP²; Jardim-Belicuas, SN²

¹ UNIFEMM, Av. Marechal Castelo Branco, 2765, Sete Lagoas – MG

² Embrapa Milho e Sorgo, CP151, CEP 35701-970, Sete Lagoas – MG
silvia@cnpms.embrapa.br

Palavras-chave: milho, mosaico, resistência a doenças, mapeamento de QTL, marcador molecular.

Introdução: O milho é atualmente o cereal de maior importância econômica no mundo, sendo cultivado para a alimentação humana e animal, e para a produção de biocombustível. A crescente demanda mundial por milho coloca o Brasil em situação privilegiada uma vez que é um país com forte vocação agrícola. Dentre os fatores que afetam a produtividade dessa cultura encontra-se a suscetibilidade a doenças, com destaque para o mosaico comum, no Brasil causado por espécies do vírus do mosaico da cana-de-açúcar (*Sugarcane mosaic virus*, SCMV). Os sintomas típicos manifestam-se pela presença, nas folhas, de manchas verdes entremeadas por manchas amareladas, em padrão de mosaico. Por ser a transmissão do vírus não persistente por vetores afídeos, o controle da doença é ineficiente por meios químicos e a utilização de cultivares resistentes tem se mostrado como alternativa eficiente no controle da doença, evitando assim as perdas na produção. **Objetivos:** Validar a seleção assistida por marcadores para a resistência ao mosaico em milho por meio da introgessão da característica em uma linhagem susceptível a partir de retrocruzamento com uma linhagem resistente. **Métodos:** Marcadores microssatélites detectados na região do bin 3.04, associados com a resistência ao mosaico na literatura foram empregados na avaliação de uma população de retrocruzamento (RC₃F₁ L18 x L19). Cento e cinquenta progênies desta população foram inoculadas artificialmente em campo. O escore da resistência foi obtido pela fórmula: $R\ score = (\text{número de plantas resistentes} / \text{número total de plantas por fileira}) \times 100$. **Resultados:** Foram avaliados 10 marcadores microssatélites na região do bin 3.04 do genoma de milho. Com o auxílio do programa GGT foram identificados alelos de três marcadores microssatélites no bin 3.04 que co-segregaram com a resistência ao mosaico na população RC₃F₁ L18 x L19. Esses marcadores poderão ser empregados para a introgessão da característica em outros materiais do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo. **Conclusões:** Foram identificados três locos que co-segregam com a resistência ao mosaico comum em milho no bin 3.04 e estes marcadores poderão ser empregados em um programa de seleção assistida por marcadores por meio de introgissões a partir do material fonte da resistência. **Apoio Financeiro:** Fapemig, Embrapa.