

## Identificação e mapeamento de QTL para a resistência ao míldio em milho

Pena, GC<sup>1</sup>; Santos, FAD<sup>1</sup>; Abreu, CS<sup>1</sup>; Souza, IRP<sup>2</sup>; Costa, RV<sup>2</sup>; Cota, LV<sup>2</sup>; Parentoni, SN<sup>2</sup>; Lana, UGP<sup>2</sup>; Jardim-Belicuas, SN<sup>2</sup>

<sup>1</sup> UNIFEMM, Av. Marechal Castelo Branco, 2765, Sete Lagoas – MG

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

**Palavras-chave:** milho, míldio, resistência a doenças, mapeamento de QTL.

Introdução: Uma das doenças mais severas que acometem o milho é o míldio, causado pelo oomiceto *Peronosclerospora sorghi* (Weston e Uppal) CG Shaw. Inicialmente observado no Brasil no início da década de 70, tem sido problema na cultura de milho principalmente nos três estados da região sul do Brasil. É uma doença de grande potencial destrutivo pois causa esterilidade quando as plantas são infectadas nos primeiros estádios de desenvolvimento, acarretando perda total na produção. Plantas sistematicamente atacadas apresentam-se cloróticas e ocasionalmente exibem folhas com estrias e faixas brancas mais estreitas e eretas em relação às plantas saudáveis. Dentre as estratégias de manejo de doenças o uso de resistência genética é considerada a mais eficiente. A herança da resistência ao míldio em milho é descrita como uma característica quantitativa controlada por poucos genes, e já foram descritos QTL para essa característica nos cromossomos 1, 2, 3, 6, 7, 9 e 10 de milho. Marcadores moleculares fortemente ligados aos locos de resistência podem diminuir a necessidade das avaliações fenotípicas para identificar e selecionar plantas resistentes, o que contribuiria para aumentar a eficiência de um programa de melhoramento genético. Objetivos: Identificar e mapear QTL de resistência ao míldio em milho para posterior emprego em um programa de seleção assistida por marcadores. Métodos: O mapeamento de QTL para a resistência ao míldio foi realizado pela metodologia de intervalo composto implementada pelo programa QTL Cartographer, a partir de dados obtidos da população segregante  $F_{2,3}$  L18 x L19. A avaliação da resistência ao míldio desta população foi realizada por meio de inoculação natural na Estação Experimental da Embrapa Milho e Sorgo em Sete Lagoas, MG em novembro de 2009. O escore da resistência foi obtido pela fórmula:  $R\ score = (\text{número de plantas resistentes} / \text{número total de plantas por fileira}) \times 100$ . Um total de 500 marcadores microssatélites foram avaliados entre as linhagens parentais e o híbrido  $F_1$  para a identificação de polimorfismos, sendo posteriormente aplicados na população de mapeamento. Resultados: Pelo método de mapeamento por intervalo composto foram identificados dois QTL para resistência ao míldio na população  $F_{2,3}$  L18 x L19, um no cromossomo 8 e outro no cromossomo 9 com base no índice fenotípico  $R\ score$ . Juntos estes QTL explicam mais de 24% da variância fenotípica, sugerindo que eles podem ser considerados alvos para estudos mais detalhados. Com a disponibilidade crescente de informações sobre o genoma do milho, em um futuro próximo, será possível identificar quais os genes destas regiões estão associados com QTL e assim ter uma melhor compreensão da base genética dessa característica. Conclusões: A resistência ao míldio apresentou variabilidade significativa na população de mapeamento, além de distribuição normal e alta herdabilidade, confirmando que essa característica em milho possui herança quantitativa. Foram mapeados dois QTL de resistência ao míldio nesta população explicando 24% da variância fenotípica da característica. Apoio Financeiro: Fapemig, Embrapa CNPMS.