

## VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA PARCIAL A *Magnaporthe oryzae* PARA APLICAÇÃO EM SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES (SAM)

José Henrique Faria Tenório<sup>1</sup>, Luana Alves Rodrigues<sup>2</sup>, Francisco Pereira Moura Neto<sup>2</sup>, Júlia Chagas Soares<sup>3</sup>, Aluana Gonçalves de Abreu<sup>4</sup>, Tereza Cristina de Oliveira Borba<sup>4</sup>, Raquel Neves de Mello<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Graduando em Biotecnologia – UFG/Goiânia-GO/Brasil. Bolsista Embrapa – e-mail: [jose\\_hft@hotmail.com](mailto:jose_hft@hotmail.com); <sup>2</sup>Analista - Embrapa Arroz e Feijão – Santo Antônio de Goiás-GO/Brasil. <sup>3</sup> Bolsista de Ensino Médio - Embrapa Arroz e Feijão – Santo Antônio de Goiás-GO/Brasil. <sup>4</sup>Pesquisadores - Embrapa Arroz e Feijão – Santo Antônio de Goiás-GO/Brasil

A principal doença do arroz em todo o mundo é a brusone, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae* B. Couch. A resistência genética é a estratégia mais econômica e ambientalmente apropriada para controlar a doença, entretanto a resistência completa tem sido pouco efetiva em razão da alta variabilidade das populações do patógeno. A resistência parcial, por sua vez, é geralmente controlada por múltiplos locos, o que dificulta a seleção de plantas com base no fenótipo. Estudos prévios identificaram marcadores associados a três QTLs de resistência parcial a *M. oryzae* na cultivar Oryzica Llanos 5 (OL5): (i) RM1307 e RM 13626, associados ao QTL q2G4; (ii) RM242 e RM3533, associados a q9G6; (iii) RM22068 e RM22041, associados a q7G10. A introgressão destes QTLs por seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) nas populações de seleção recorrente em programas de melhoramento pode contribuir para o desenvolvimento de linhagens de arroz com resistência durável. Assim, o objetivo deste trabalho foi validar os seis marcadores na população de seleção recorrente CNA6, para posterior aplicação destes em SAM. Para tanto, foram coletadas folhas de 223 plantas da população para extração de DNA por lise alcalina. As reações de amplificação foram conduzidas em painel multiplex, utilizando primers marcados com fluorescência, em um volume total de 5µL (Qiagen Multiplex PCR). O produto amplificado foi diluído e submetido a eletroforese capilar em analisador automático ABI3500XL (Applied Biosystems). A identificação dos alelos foi realizada utilizando-se o programa GeneMapper (Applied Biosystems). Os dois marcadores associados ao QTL q7G10 apresentaram amplificação inconsistente e foram eliminados da análise. O marcador RM1307 apresentou cinco alelos na população CNA6 e cerca de 53% destes foram idênticos ao de OL5 (163 pb). Foram identificados quatro alelos pelo marcador RM13626 que também apresentou uma elevada frequência do alelo 183 pb de OL5 (44,5%). Para o marcador RM242 foram identificados dois alelos e para o marcador RM3533, três alelos. Em cada um desses locos, foi identificado uma única planta com alelo idêntico ao de OL5 (229 pb e 126 pb, respectivamente). A alta incidência dos alelos de OL5 para os marcadores associados ao QTL q2G4 na população CNA6, que não possui background genético desta cultivar, indica que estes marcadores não são adequados para a verificação da introgressão dos alelos favoráveis nesta. Por outro lado, os marcadores associados ao QTL q9G6 mostraram-se apropriados para uso em SAM e podem ser utilizados no melhoramento, o que permitirá acelerar a obtenção de cultivares resistentes a *M. oryzae*.

Palavras-chave: brusone; QTL; CNA6.