

MONITORAMENTO DOS GENES PI1, PI2 E PI33 DE RESISTÊNCIA À BRUSONE EM LINHAGENS DE ARROZ

Alessandra G. Ribeiro¹; Luana A. Rodrigues²; Tereza C. de O. Borba²; Sylvana de P. P. Costa²; Aluana G. de Abreu²; Sandy da S. Soares³; Raquel N. de Mello²

¹Universidade Federal de Goiás ²Embrapa Arroz e Feijão ³Centro Universitário de Goiás Uni-Anhanguera. * E-mail: alessandra-ribeiro@live.com

A produção de arroz apresenta um risco elevado em função da severidade da brusone, doença causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*. No Brasil, a brusone afeta o lucro do produtor, tanto por reduzir a produtividade quanto por aumentar custos com o controle. Além disso, o uso intenso de fungicidas ocasiona ameaças ambientais. A resistência genética é, assim, a estratégia mais econômica e ambientalmente amigável para o controle da doença. A seleção assistida por marcadores moleculares tem sido utilizada no programa de melhoramento da Embrapa para introgressão de genes de resistência a *M. oryzae*, tanto em linhagens avançadas quanto em populações de seleção recorrente. O objetivo deste trabalho foi avaliar a presença de alelos favoráveis dos genes Pi1, Pi2 e Pi33 de resistência a *M. oryzae* em genitores potenciais do programa de melhoramento de arroz da Embrapa para que sejam utilizados como doadores desses genes. Foram avaliadas as linhagens BR IRGA 409, BRS Biguá, BRS Catiana, BRS Esmeralda, BRS Formoso, BRS Pampa, BRS Pampeira, BRS Primavera, C79-272-4-1-2-3-10, Cirad 464, Cirad 464 Pi e Irat 124. Como controles, foram avaliados acessos descritos na literatura como possuidores desses genes. São eles: LAC 23 (Pi1); C101A51 (Pi2); e Taichung Native 1, Bala e IR 64 (Pi33). Além destes, foram avaliados os controles suscetíveis C5173, CO39 e IR 36. Foram avaliadas duas plantas de cada acesso utilizando os marcadores RM5926 e RMS-Pi1-03 (Pi1); RM564 e RMs8 (Pi2); e RM3507 e RM544 (Pi33). Para o gene Pi1, nenhum genitor apresentou os alelos 117 (RM5926) e 200 (RMS-Pi1-03) do controle LAC23. Para Pi2, BRS Catiana, BRS Pampa, BRS Pampeira, Cirad 464 e Cirad 464Pi apresentaram os alelos 230 (RM564) e 203 (RMs8) do controle C101A51. Para Pi33, BRS Biguá, BRS Formoso, C79-272-4-1-2-3-10, Cirad 464 Pi e Irat 124 apresentaram os alelos 87 (RM3507) e 250 (RM544) dos controles Taichung Native 1 e Bala. IR64, cultivar descrita como apresentando o gene Pi33, apresentou alelos distintos dos outros dois controles. Neste trabalho, não foi identificada cultivar que apresentasse os alelos favoráveis do gene Pi1. Entretanto, os resultados indicam a presença dos alelos favoráveis dos genes Pi2 e Pi33 em cultivares adaptadas que podem ser utilizadas como doadoras para o programa de melhoramento. A presença de alelos favoráveis em cultivares adaptadas facilita a introdução desses genes no programa de melhoramento, por seleção assistida por marcadores, uma vez que essas cultivares combinam resistência com boas características agronômicas.

Palavras-chave: *Magnaporthe oryzae*; Seleção assistida por marcadores.