

Associação genômica ampla na seleção para resistência a *Notozulia entreriana* em híbridos de *Brachiaria*

Primeiro autor: Celina de Medeiros Ragalzi

Demais autores: Ragalzi, C. M.^{1*}; Simeão, R. M.²; Torres, F. Z. V.²; Valle, C. B. do²; Lira, E. C.³; Vilela, M. M.⁴; Leguizamon, G. O. C.⁵; Alves, G. F.⁶

Resumo

A pecuária brasileira é baseada na produção de bovinos em pastos, sendo a cigarrinha-das-pastagens uma das pragas de maior impacto econômico, reduzindo a produtividade forrageira. A seleção de gramíneas do gênero *Brachiaria* resistentes é a forma mais adequada de solucionar esse problema, entretanto, a avaliação fenotípica de inúmeros genótipos, durante a seleção genética em *Brachiaria*, é laboriosa e o caráter de expressão, tardia. Baseados nesses antecedentes objetivou-se neste estudo identificar e validar marcadores moleculares do tipo microssatélite (SSR) associados à resistência a *Notozulia entreriana* em *Brachiaria* e híbridos. Inicialmente foram avaliados 118 acessos apomíticos de *B. brizantha* caracterizados quanto à resistência e por 152 marcadores SSR. A análise da associação genômica ampla foi baseada no modelo linear misto e os efeitos dos marcadores foram estimados por meio do software Tassel, com ajuste ou não da estrutura de população. Três locos e seus alelos com efeitos genéticos significativos foram utilizados na validação e seleção para resistência em 544 híbri-

(1) Graduanda da Universidade Católica Dom Bosco - celina_ragalzi@hotmail.com. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (3) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco. (4) Analista B da Embrapa Gado de Corte. (5) Assistente A da Embrapa Gado de Corte. (6) Professor Adjunto Faeng – Universidade Federal do Mato Grosso do Sul. * Autor correspondente.

dos interespecíficos de *Brachiaria*. Os híbridos foram avaliados fenotipicamente para obtenção da porcentagem de sobrevivência de cada indivíduo, após a infestação com cigarrinhas em condições experimentais controladas. As extrações de DNA dos 544 indivíduos e as reações de PCR seguiram protocolos padronizados. A genotipagem foi automatizada em sequenciador de DNA e o resultado final foi obtido pelo programa GeneMapper. Na população de estimação, os alelos de maior efeito respondem por 70% da suscetibilidade e 51% da resistência a *N. enteriana*. A correlação entre os valores fenotípicos e genômicos para resistência na população de estimação foi de 80%. Essa correlação foi de 15% na população de validação de híbridos e indica que a predição da resistência não correspondeu ao fenótipo observado. O resultado será discutido com base nos diferentes métodos de análise dos micros-satélites e na composição genética das duas populações estudadas.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq e Unipasto.