

## CARACTERIZAÇÃO DE GENES CANDIDATOS DE RESISTÊNCIA À *Magnaporthe oryzae* EM TRIGO

**Jéssica Rosset Ferreira<sup>1</sup>; Carolina Cardoso Deuner<sup>2</sup>; Gisele Abigail Montan Torres<sup>3\*</sup>;  
Caroline Turchetto<sup>4</sup>; Luciano Consoli<sup>3</sup>; Sandra Maria Mansur Scagliusi<sup>3</sup>;  
Antonio Nhani Júnior<sup>3</sup>; Eliseu Binneck<sup>5</sup>; José Maurício Cunha Fernandes<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia – UPF. Bolsista Capes. <sup>2</sup>Professora do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - UPF, orientadora. <sup>3</sup>Pesquisador(a) da Embrapa Trigo, \*co-orientadora.

<sup>4</sup>Bolsista de Pós Doutorado, PNPd-CNPq. <sup>5</sup>Pesquisador da Embrapa Soja.

A brusone, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*, é uma das principais doenças fúngicas do trigo e foi descrita no Brasil, pela primeira vez, em 1985. Ainda hoje, são poucos os relatos de genótipos de trigo resistentes ao patógeno. Com objetivo de identificar genes candidatos de resistência a *M. oryzae*, em 2009, a Embrapa Trigo iniciou a abordagem “*Wheat BGI*, *Wheat Blast Genes Interaction*” em que desde 2010, coleções de germoplasma de trigo são caracterizadas, em campo (sob alta pressão de inóculo) e em condições controladas de ambiente, quanto à reação a brusone. Dezenas de genótipos foram identificados como fontes de genes de resistência à infecção de *M. oryzae*. Paralelamente aos estudos de fenotipagem, análises transcriptômicas foram conduzidas, e genes-candidatos (GC) de resistência foram identificados. Neste contexto, o presente trabalho tem como primeiro objetivo a caracterização molecular dos GC de resistência de trigo a *M. oryzae*, em genótipos previamente identificados como contrastantes quanto à reação à doença. Dez genótipos, previamente caracterizados fenotipicamente em viveiros de brusone de trigo, serão avaliados quanto à resposta à infecção a três isolados do patógeno. Desse modo, espera-se caracterizar interações específicas planta-patógeno comparativamente a respostas de resistência a campo. Um segundo objetivo é a caracterização fenotípica de uma população duplo-haplóide de trigo, de um cruzamento de genótipos contrastantes quanto à reação à doença. A partir da caracterização da população de mapeamento biparental duplo-haplóide, serão identificados QTLs de resistência à *M. oryzae*. Os genes candidatos de resistência validados nesta pesquisa, poderão ser empregados como ferramentas de seleção em programas de melhoramento genético de trigo.

**Palavras-chave:** brusone, resistência genética, prospecção gênica.

**Apoio:** Embrapa Trigo / CNPq / Capes