

## ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA NA SELEÇÃO PARA RESISTÊNCIA A *NOTOZULIA ENTRERIANA* EM HÍBRIDOS DE *BRACHIARIA*

Celina de Medeiros Ragalzi<sup>1</sup>; Letícia Jungmann Cançado<sup>2</sup>; Rosângela Maria Simeão<sup>3\*</sup>; Fabrícia Zimermann Vilela Torres<sup>4</sup>; Mariane de Mendonça Vilela<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Universidade Católica Dom Bosco, Campo Grande, MS, Brasil

<sup>2</sup> Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, Brasil

<sup>3</sup> Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil

<sup>4</sup> Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil

<sup>5</sup> Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil

\* Autor para correspondência: rosangela.simeao@embrapa.br

A pecuária brasileira é baseada na produção de bovinos em pastos, sendo a cigarrinha-das-pastagens (*Notozulia entreriana*) uma das pragas de maior impacto econômico, por reduzir a produtividade forrageira. A seleção de gramíneas do gênero *Brachiaria* resistentes é a forma mais adequada de equacionar esse problema, entretanto, a avaliação fenotípica de inúmeros genótipos, durante a seleção genética em *Brachiaria*, é laboriosa em um caráter de expressão tardia. Baseados nesses antecedentes, esse estudo teve como objetivos identificar e validar marcadores moleculares do tipo microssatélite (SSR) associados à resistência a *N. entreriana* em *B. brizantha* e em híbridos interespecíficos. Foram caracterizados quanto à resistência 118 acessos apomíticos poliploides de *B. brizantha*, os quais foram também genotipados com 152 marcadores microssatélites em gel de poliácridamida. A análise da associação genômica ampla (GWAS) foi baseada no modelo linear misto e os efeitos dos marcadores estimados por meio do *software* Tassel, com ajuste ou não da estrutura de população. Três locos e seus alelos apresentaram efeitos genéticos significativos e foram utilizados na seleção para resistência em 544 híbridos interespecíficos obtidos dos cruzamentos entre *B. brizantha* x *B. ruziziensis* e *B. decumbens* x *B. ruziziensis*. Os híbridos foram avaliados fenotipicamente para obtenção da porcentagem de sobrevivência de cada indivíduo sob infestação com cigarrinhas, em condições experimentais controladas. As extrações de DNA dos indivíduos e as reações de PCR seguiram protocolos padronizados. A genotipagem foi automatizada em sequenciador de DNA e o resultado obtido pelo programa GeneMapper. Na população inicial de *B. brizantha*, os alelos de maior efeito responderam por 70% da suscetibilidade e 51% da resistência a *N. entreriana*. A correlação entre os valores fenotípicos e genômicos para resistência na população inicial foi de 80%. Entretanto, essa correlação foi de 15% na população de híbridos e indica que a predição da resistência não correspondeu ao fenótipo observado. *B. brizantha*, *B. decumbens* e *B. ruziziensis* fazem parte de um mesmo complexo agâmico, o que resulta em ausência de barreiras de cruzamento e na obtenção de híbridos viáveis no cruzamento. Mesmo assim, a estratégia de utilizar a população de *B. brizantha* para determinar a associação dos marcadores não foi suficiente para transferir a informação para os híbridos interespecíficos envolvendo as duas outras espécies do gênero, ou seja, as duas populações apresentavam composição genética diferente. Houve ainda a interferência de diferentes métodos de análise dos microssatélites nas duas populações, em que não ocorreu reprodutibilidade, condição essencial para viabilizar a GWAS.

Palavras-chave: efeitos de marcadores; poliploidia; SSR; transferibilidade

Apoio financeiro: Embrapa Gado de Corte, Unipasto e CNPq pela bolsa Bolsista IC PIBIC/CNPq/Embrapa da primeira autora.