

INTROGRESSÃO DA RESISTÊNCIA AO MOSAICO-COMUM EM MILHO ASSISTIDA POR MARCADORES SNP

Kompetitive Allele Specific PCR (KASP, Zea mays L., potyvirus, sugarcane mosaic virus (SCMV)

Pinto, MO¹; Souza, IRP¹; Paula, ALSP²; Guimarães, PE¹; Trindade, RS¹; Guimarães, LJM¹

¹Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil ; ²Centro Universitário de Sete Lagoas, Sete Lagoas, MG, Brasil, marcos.deoliveira@embrapa.br

A doença mosaico-comum do milho causada por potyvirus Sugarcane mosaic virus (SCMV) destaca-se dentre as principais viroses que afetam a cultura do milho no Brasil. Os efeitos causados pelo mosaico-comum nas plantas são tanto maiores quanto mais cedo se estabelece a infecção, sendo que estimativas experimentais mostram reduções na produção da ordem de 50%, em genótipos suscetíveis. A técnica de PCR competitiva alelo específica (KASP, Kompetitive Allele Specific PCR, utilizada para genotipagem empregando marcadores SNP (Single Nucleotide Polimorphism, permite a realização de análises em larga escala, com alta especificidade e sensibilidade. O objetivo desse trabalho foi utilizar a metodologia KASP no retrocruzamento assistido por marcadores moleculares SNP, visando acelerar a recuperação do genoma recorrente na introgressão da resistência ao mosaico-comum em milho. Linhagens contrastantes quanto à resistência ao mosaico-comum, 541145 resistente e 5100290⁻¹ suscetível (recorrente, foram utilizadas em cruzamentos e avaliadas as gerações RC1F1 e RC2F1. A seleção dos genótipos resistentes foi realizada em cada uma das gerações, por meio de inoculação mecânica. Dentre os 73 indivíduos da população RC1F1, vinte e sete foram resistentes ao SCMV. Esses indivíduos foram avaliados para porcentagem de recuperação do genoma recorrente (5100290⁻¹ baseado na genotipagem com 16 marcadores SNPs distribuídos ao longo do genoma do milho. A recuperação do genoma variou de 66,7% a 86,7%, com média de 78,4%. Uma progênie com 86,7% do genoma do parental recorrente (5100290⁻¹ foi selecionada para a realização do segundo retrocruzamento, obtendo-se a população RC2F1. Nessa geração, vinte indivíduos foram resistentes ao SCMV e, baseado na genotipagem com 31 marcadores SNPs distribuídos no genoma, verificou-se que a porcentagem de recuperação do genoma do parental recorrente variou de 88,7% a 96,8% com média de 93,2%. O indivíduo com 96,8% de recuperação do genoma da linhagem 5100290⁻¹ foi selecionado e autofecundado para posterior teste de progênies quanto à resistência ao mosaico-comum nos ciclos subsequentes de autofecundação. A tecnologia KASP foi eficiente na genotipagem empregando marcadores SNPs, permitindo identificar nas gerações iniciais de retrocruzamento os indivíduos com maior porcentagem de recuperação do genoma recorrente, com um ganho de até dois ciclos, comparado ao que seria obtido no retrocruzamento convencional.

1.472

Agência(s) de Fomento: Embrapa Milho e Sorgo e Fapemig.



XXXII CONGRESSO NACIONAL
DE MILHO E SORGO



*"Soluções integradas para
os sistemas de produção
de milho e sorgo no Brasil"*

10 a 14

de setembro de 2018

UFLA, LAVRAS/MG



RESUMOS

XXXII Congresso Nacional de Milho e Sorgo

