

VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES ASSOCIADOS A RESISTÊNCIA A DOENÇAS EMERGENTES DE ARROZ

Sandy da S. Soares¹; Jaciane N. Silva¹; Luana A. Rodrigues²; Sylvana de P. P. Costa³; Aluana G. de Abreu^{4*}

¹Centro Universitário de Goiás Uni-Anhanguera. ²Embrapa Arroz e Feijão.

*sandysoares256@hotmail.com

Palavras-chave: Validação de QTLs; Marcadores microssatélites; Primer

No Brasil, devido ao clima favorável, as principais doenças que ocorrem nas lavouras orizícolas são de origem fúngica. A Brusone tem se destacado como a principal doença da cultura, porém, doenças consideradas secundárias como a mancha-parda (*Bipolaris oryzae*) e a queima da bainha (*Rhizoctonia solani*) já causam danos de nível econômico em várias regiões do país. O uso de cultivares resistentes tem sido a alternativa mais efetiva, viável e sustentável para o controle dessas doenças. Os marcadores moleculares são ferramentas importantes para a seleção assistida por marcadores pois auxiliam na introdução de alelos de resistência em linhagens elite do programa de melhoramento. Assim, objetivo do trabalho foi validar marcadores moleculares que estão associados a QTLs de resistência à mancha parda e queima das bainhas em genótipos de arroz para serem usados na seleção assistida por marcadores. O presente estudo foi conduzido no Laboratório de Seleção Assistida da Embrapa Arroz e Feijão. Inicialmente foram identificados na literatura 16 marcadores microssatélites próximos a QTLs de resistência à mancha parda e queima da bainha. Numa primeira etapa, foi feito o processo de otimização dos primers: cada um deles foi testado em sete genótipos, usando diferentes temperaturas de anelamento e quantidade de reação para cada amostra. Após os ajustes feitos todos os primers amplificaram satisfatoriamente. Para a validação, foram usadas as temperaturas e a proporção de reagentes definidas no processo de otimização. Foram testados 27 genótipos identificados como contrastantes (resistentes e suscetíveis) para as doenças a serem analisadas. Todos os genótipos integram o acervo do Banco Ativo de Germoplasma de Arroz (BAG Arroz) e estão representados por variedades tradicionais, cultivares brasileiras e introduzidas. Após a extração de DNA, a amplificação das amostras foi feita através de PCR, a separação dos fragmentos amplificados foi feita em gel de agarose (2%), que foi corado com brometo de etídio e fotodocumentado por um transluminador. Mais da metade dos primers amplificaram para mais de 90% das amostras sendo que, o que apresentou menor taxa de amplificação, o primer RM 566, teve mais de 70% de amostras amplificadas. Em relação à temperatura de anelamento, seis primers amplificaram de acordo com a literatura, a 55°C, enquanto para os outros houve ajustes que variaram até 4 graus a menos do recomendado. Dos 16 primers analisados, seis são monomórficos e dez polimórficos. A maioria dos locos polimórficos (70%) possui três alelos diferentes. A próxima etapa será verificar se existe associação entre alelos e resistência às doenças.

Agradecimentos: Embrapa e CNPq