

Validação de Marcadores Moleculares Associados a QTLs de Resistência à Mancha-Parda e Queima das Bainhas em Genótipos de Arroz⁽¹⁾

Sandy da Silva Soares², Jaciane Nascimento Silva², Luana Alves Rodrigues³, Sylvana de Paiva Pinto Costa⁴ e Aluana Gonçalves de Abreu⁵

¹ Pesquisa financiada pelo CNPq.

² Graduanda em Agronomia, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³ Bióloga, doutora em Fitotecnia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Zootecnista, especialista em Sustentabilidade e Biodiversidade, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁵ Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - 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 das bainhas (*Rhizoctonia solani*) já causam danos de nível econômico em várias regiões do país. O uso de cultivares resistentes tem sido a alternativa mais efetiva e viável 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, o 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 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 e 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 e a separação dos fragmentos amplificados feita em gel de agarose (2%), corado com brometo de etídio e fotodocumentado por um transluminador. Mais da metade dos primers amplificaram para mais de 90% das amostras, sendo o que apresentou menor taxa de amplificação foi o primer RM 566, com 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 quatro 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.