



MAPEAMENTO GENÉTICO DE LOCOS DE RESISTÊNCIA A *Magnaporthe grisea* EM LINHAGENS PURAS RECOMBINANTES DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Bruna Jaqueline Guedes Ohse^{1,2}; Andrea Branco Schmidt^{1,3}; Leandro Nogueira Ramos^{1,4}; Paulo Hideo Nakano Rangel⁵; Marcio Elias Ferreira¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ²Mestrado em Ciências Genômicas e Biotecnologia – UCB, brunajaqueline@gmail.com; ³Doutorado em Recursos Genéticos Vegetais – UFSC; ⁴Mestrado em Fitopatologia – UnB; ⁵Embrapa Arroz e Feijão

Palavras-chave: *Magnaporthe grisea*, microssatélites, arroz, resistência

O fungo *Magnaporthe grisea* é o agente causal da brusone, a doença de maior importância nesta cultura. A identificação e utilização de genes de resistência à brusone tem se mostrado a maneira mais efetiva e econômica de controlar a doença. O controle genético de resistência à brusone na interação entre isolados de *M. grisea* coletados no Brasil e variedades de arroz advindas de programas de melhoramento ainda é desconhecido. Nenhum gene de resistência a isolados de brusone encontrados no Brasil foi mapeado no genoma de arroz até o momento. O objetivo deste trabalho foi identificar regiões do genoma de arroz associadas ao controle de resistência à brusone. Uma população de linhagens puras recombinantes (RILs – Recombinant Inbred Lines) derivadas do cruzamento entre as variedades Chorinho (suscetível) e Amaro (resistente) foi utilizada para mapear locos de resistência ao isolado 33 (raça fisiológica ID-10), coletado em Formoso, TO. A fenotipagem de resistência à doença da população segregante foi realizada em condições controladas de casa de vegetação. As plantas foram inoculadas com uma suspensão de esporos monospóricos (3×10^5 esporos/ml) no 21º dia após a germinação e avaliadas com base em uma escala de notas (0 a 9) treze dias após a inoculação. A genotipagem da população segregante foi feita com 150 marcadores microssatélites (SSR) distribuídos no genoma de arroz utilizando um seqüenciador automático ABI-3700. Foi detectada uma associação significativa ($p < 1\%$) entre a segregação observada no loco RM234, localizado no cromossomo 7, e a segregação para resistência à brusone na população RIL. O mesmo marcador está fortemente associado a resistência à raça F1366 de *M. grisea*, no cruzamento Zhenshan 97 and Minghui 63, analisado na China. Outro gene de resistência a *M. grisea* (*Pi17*) também foi descrito no cromossomo 7, em população segregante analisada no Japão. Todavia, grande parte dos genes de resistência já descritos encontram-se nos cromossomos 6, 11 e 12 de arroz. O mapeamento de genes de resistência à brusone é importante para a compreensão dos mecanismos de resistência ao patógeno e para a utilização de marcadores moleculares na seleção indireta e piramidização de genes pelos programas de melhoramento.