

**Mapeamento molecular do gene de resistência à ferrugem asiática nos genótipos PI 200487 (Kinoshita) e Shiranui.** Catelli<sup>1\*</sup>, L.L; Arias<sup>2</sup>, C.A.A; Camargo<sup>3</sup>, P.O; Marin<sup>2</sup>, S.R.R; Abdelnoor<sup>2</sup>, R.V. <sup>1</sup>Campus Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias-UNESP, \*CAPES, <sup>2</sup>Embrapa Soja, <sup>3</sup>UENP. E-mail: catelli@cnpso.embrapa.br. Molecular mapping of resistance gene to asian soybean rust in genotypes PI 200487 (Kinoshita) and Shiranui.

A ferrugem asiática causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi*, tem causado grandes perdas na cultura de soja. O objetivo deste trabalho foi estudar a herança e mapear os locos que conferem resistência à ferrugem presente nos genótipos PI200487 (Kinoshita) e Shiranui. Indivíduos de duas populações F<sub>2</sub>, derivadas dos cruzamentos entre os genótipos resistentes (Kinoshita e Shiranui) e o genótipo suscetível (BRI98-641), foram avaliados quanto à reação ao fungo da ferrugem e classificados como resistentes (lesões reddish-brown, RB) e suscetíveis (lesões do tipo TAN). A análise de segregação pelo teste qui-quadrado ( $\chi^2$ ), mostrou que a resistência em ambas as fontes é condicionada por um único loco com dominância para a resistência. As populações foram avaliadas por marcadores moleculares de microssatélites, resultando no mapeamento de *Rpp?*(Shiranui) e *Rpp?*(Kinoshita) no grupo de ligação N da soja, ligado ao marcador Satt152, indicando que essas duas fontes de resistência possuem diferentes alelos no mesmo loco. A utilização destes marcadores em programas de melhoramento pode auxiliar na seleção e incorporação de genes específicos de resistência à ferrugem asiática em novas cultivares de soja.