

## **MAPEAMENTO DE QTLs VISANDO A IMPLEMENTAÇÃO DE SELEÇÃO ASSISTIDA PARA RESISTÊNCIA A DOENÇAS FOLIARES EM MILHO**

Sílvia Neto Jardim, Claudia Teixeira Guimarães, Jurandir Vieira Magalhães, Isabel Regina Prazeres de Souza, Ubiraci G. L. Paula, Carlos Roberto Casela, Rodrigo Vêras da Costa, Paulo Evaristo O. Guimarães, Sidney Netto Parentoni, Lauro José M. Guimarães, Cleso Antônio P. Pacheco, Adelmo Resende da Silva, Elizabeth de Oliveira,

Embrapa Milho e Sorgo

A suscetibilidade a patógenos foliares é um dos fatores que afetam significativamente a produtividade de milho. No Brasil, dentre as principais doenças de milho podemos ressaltar o mosaico, antracnose e cercosporiose, onde a medida de controle mais sustentável é a resistência genética. O uso de cultivares resistentes reduz custos de produção e não causa impacto ambiental, sendo compatível com as demais estratégias de manejo. Para que as estratégias modernas de seleção assistida sejam empregadas no desenvolvimento de cultivares, é necessário que sejam identificados marcadores flanqueando os genes ou QTLs de resistência aos diferentes patógenos. Nesse sentido, a Embrapa Milho e Sorgo tem obtido sucesso no mapeamento de locos de resistência a diversos patógenos de importância para a cultura do milho. Além de marcadores microssatélites flanqueando os QTLs de resistência, análogos de genes de resistência (RGAs) serão identificados por meio de estratégias de bioinformática, mapeados e validados em diferentes populações. Assim, os marcadores serão utilizados na introgressão e piramidação assistida visando obtenção de cultivares com resistência genética mais durável e eficiente contra diferentes patógenos e suas respectivas raças fisiológicas. A integração de técnicas moleculares com o melhoramento de plantas será uma das soluções mais inovadoras para o desenvolvimento sustentável do agronegócio em condições tropicais.

### **QTL MAPPING TO DEVELOP MARKER-ASSISTED SELECTION FOR RESISTANCE TO LEAF DISEASE IN MAIZE**

Susceptibility to leaf pathogens is an important cause of significant reductions in maize productivity. Among the main maize diseases in Brazil include SCMV, anthracnose leaf blight and gray spot leaf blight, where the most sustainable control is the genetic resistance. The use of resistant cultivars reduces the production costs, does not affect the environment damage and is compatible with most of the disease management strategies. To apply marker-assisted selection in plant breeding, it is important to identify markers flanking the resistance genes or QTL against different pathogens. In this way, Embrapa Maize and Sorghum has been successfully mapped QTL associated with resistance to important maize pathogens. In addition to SSR markers flanking resistance QTLs, resistance gene analogs (RGA) will be identified using bioinformatics tools, mapped and validated in different populations. After that, these markers will be used for assisted the transferring and pyramiding aiming the production of maize cultivars carrying genetic resistance durable and efficient against different pathogens and their respective physiological races. The integration of molecular techniques with plant breeding will be one of the most promising solutions to sustainable development of agriculture in tropical conditions.