

Avaliação de marcadores moleculares diagnósticos de alelos de resistência a *Magnaporthe oryzae* em arroz (*Oryza sativa*)

Crispim, BCF^{1,2}; Borba, TCO²; Breseghello, F²; Filippi, MCC³; Mello, RN²

¹ Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Goiás

² Laboratório de Biotecnologia, Embrapa Arroz e Feijão

³ Laboratório de Fitopatologia, Embrapa Arroz e Feijão
raquelmello@cnpaf.embrapa.br

Palavras-chave: seleção assistida por marcadores; brusone; Pi1; Pi2; Piz

A brusone do arroz, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*, é uma doença devastadora e para a qual ainda se utiliza o controle químico como principal medida de controle, embora a resistência genética seja considerada a estratégia de controle mais econômica e de menor impacto para o ambiente. Isto se dá pela oferta limitada de cultivares resistentes, uma vez que alterações frequentes na população do patógeno tornam ineficientes os genes de resistência utilizados. Para contornar esta dificuldade, os programas de melhoramento utilizam piramidação gênica e multilinhas com o fim de acumular genes de resistência complementares e assim ampliar o número de patótipos contra as quais uma cultivar pode resistir. Tanto na piramidação gênica quanto nas multilinhas, a seleção assistida por marcadores moleculares é uma etapa crítica que reduz o tempo e os custos envolvidos em seleções fenotípicas nem sempre acuradas. Há dezenas de genes de resistência a *M. oryzae* descritos na literatura e para muitos destes há marcadores moleculares potencialmente úteis para a seleção assistida. O presente trabalho teve o objetivo de avaliar a capacidade de marcadores moleculares dos tipos SSR, SNP e InDel descritos na literatura em identificar alelos associados a resistência à *M. oryzae*. Para tanto, foi extraído o DNA genômico de cinco plantas reunidas em bulk para cada um dos 74 acessos de arroz de origens diversas, utilizando o método CTAB. A qualidade do DNA extraído foi avaliada por amplificação com o marcador OG106. Foram testados 12 marcadores publicados na literatura como associados a dez genes de resistência (Pi1, Pi2, Pib, Pik, Pik-m, Pik-p, Pit, Pita/Pita2, Piz e Piz-t). Os produtos de PCR foram visualizados por eletroforese em géis de poliacrilamida 6% e corados com prata ou em géis de agarose 3% e corados com brometo de etídio. Somente os marcadores para os genes Pi1, Pi2, Pib e Piz apresentaram o padrão de amplificação esperado para os controles. No entanto, quando testados para 74 acessos de origens diversas, os dois marcadores SSR para o gene Pi1 (RM1233*1 e RM224) apresentaram padrões de amplificação de bandas distintos daqueles descritos pelo autor, indicando que eles não são apropriados para seleção assistida. Além dos controles positivos, o marcador STS NBS2-Pi9 (gene Pi2) apresentou amplificação positiva para dez dos 74 acessos e o marcador SNP z565962 (Piz) apresentou amplificação positiva para 36 acessos. Os marcadores para o gene Pib (SNP b213 e STS Pib) apresentaram congruência de resultados para a maioria dos 74 acessos. Os marcadores NBS2-Pi9, z565962, b213 e Pib serão agora testados com linhagens e cruzamentos do programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão para confirmar sua adequação à seleção assistida por marcadores. Apoio financeiro: EMBRAPA/MONSANTO, CNPQ