

Uso de marcadores moleculares para avaliação de fontes de resistência à *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*, agente causal da mancha angular do algodoeiro

Lucena, MG^{1,2}; Oliveira, TS²; Silva, RA^{1,2}; Coutinho, WM²; Hoffmann, LV³; Giband, M^{2,4}

¹Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande, PB

²Embrapa Algodão, Campina Grande, PB

³Núcleo de P, D & I do Cerrado, Embrapa Algodão, Goiânia, GO

⁴CIRAD – BIOS, UMR DAP, Montpellier, França
monalizalucena@hotmail.com

Palavras-chave: Marcador SSR, *Gossypium hirsutum*, *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum*, Variabilidade genética, bacteriose

Introdução - A mancha angular, causada pela bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* (Xam), é uma das principais doenças do algodoeiro. Essa doença não tem controle curativo, sendo a resistência genética a forma mais adequada de manejo. Até o presente, foram relatados 22 genes, conferindo diferentes níveis de resistência – completa ou parcial – à 20 raças específicas da bactéria por meio de interação gene a gene. As combinações dos genes B_2B_3 e $B_{9L}B_{10L}$ foram as mais utilizadas em programas de melhoramento de algodoeiro, visando a resistência a mancha angular. Essas combinações conferem a resistência total à maioria de raças específicas de Xam (até a raça 19) nos países produtores de algodão; entretanto, uma nova raça de Xam (HV1, raça 20) tem superado a resistência resultante da combinação desses genes, sendo o gene B_{12} o único eficaz contra essa nova raça. Recentemente, um marcador molecular do tipo SSR associado ao gene B_{12} foi relatado. Objetivos: Investigar as relações genéticas entre fontes de resistência à Xam por meio do genotipagem de acessos de algodoeiro usando um marcador SSR associado ao loco de resistência B_{12} . Métodos: Foram escolhidos 10 acessos de algodoeiro portadores de diversas combinações gênicas para avaliação com o marcador SSR CIR 246, associado a loco de resistência B_{12} : S-295 (B_{12}), 101-102B ($B_2B_3B_{Sm}$) Empire WR (B_{Sm}), Empire WRB4 (B_4B_{Sm}), Empire WRB2B6 ($B_2b_6B_{Sm}$), Empire WRB2B3B6 ($B_2B_3b_6B_{Sm}$), Mebane B1 (B_2), Tamcot SP37 ($B_2B_3B_7$), Reba B50 ($B_{9L}B_{10L}$) e Acala 44 (suscetível, sem genes de resistência), além de um conjunto de variedades comerciais resistentes ou suscetíveis às raças de Xam presentes no Brasil – raças 3, 8, 10, 18 e 19 (DeltaOpal, Fibermax 966, CD-401, Guazuncho-2, Acala 90 e BRS 286). O DNA genômico total foi extraído de sementes pelo método SDS e amplificado por PCR, usando *primers* de microsátélites. Os produtos de amplificação foram aplicados em gel de poliacrilamida para avaliação do tamanho dos alelos amplificados. Resultados: Como esperado, no acesso S-295 foi amplificada uma banda de 146 pb associada ao gene B_{12} . Todos os acessos suscetíveis até a raça 19 apresentaram bandas de 156 e/ou 166 pb, associadas à suscetibilidade. Diferentemente do que foi relatado na literatura, em acessos resistentes até a raça 19 de Xam, e que possuem combinações gênicas diferentes do gene B_{12} , foi também amplificada uma banda de 146 pb. Conclusões: A banda de 146 pb, amplificada pelo marcador CIR 246 e previamente associada ao gene de resistência B_{12} , foi também amplificada em acessos portadores das combinações gênicas B_2B_3 e $B_{9L}B_{10L}$. Esse marcador molecular, embora não permitindo diferenciar os genes de resistência presentes nos acessos, é útil para selecionar genótipos resistentes de algodoeiro até a raça 19 de Xam. Apoio: CNPq, Universidade Estadual da Paraíba, Embrapa