

Mapeamento de QTLs associados com a Resistência à Helmintosporiose em Sorgo

Danuzza Araújo de Souza⁽¹⁾; Isabel Regina Prazeres de Souza⁽²⁾; Luciano Viana Cota⁽²⁾; Janaína de Oliveira Melo⁽³⁾; Maria Marta Pastina⁽²⁾; Jurandir Vieira de Magalhaes⁽²⁾; Claudia Teixeira Guimaraes⁽²⁾; José Avelino Santos Rodrigues⁽²⁾; Robert Eugene Schaffert⁽²⁾; Cicero Beserra de Menezes⁽²⁾

⁽¹⁾ Pós-Doutoranda - Fapemig, danuzza19@yahoo.com.br; ⁽²⁾ Pesquisador, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG isabel.prazeres@embrapa.br ; ⁽³⁾ Professora Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG.

RESUMO: Em sorgo, apesar da importância da Helmintosporiose, doença foliar causada pelo *Exserohilum turcicum* (Pass), são limitadas as informações sobre genes e/ou QTLs de resistência. O objetivo do presente estudo foi mapear QTLs associados a resistência à helmintosporiose em sorgo. Trezentas e noventa e três linhagens recombinantes (RILs), derivadas do cruzamento entre as linhagens BR007B (suscetível) e SC283 (resistente), foram genotipadas por meio da técnica de genotipagem por sequenciamento e fenotipadas em condições de inóculo natural em campo. Por meio da estratégia de mapeamento por múltiplos intervalos foram identificados cinco QTLs de resistência nos cromossomos 1, 2, 3, 6 e 9. Dentre esses, foi identificado um QTL de grande efeito no cromossomo 1, explicando 53,35% da variância fenotípica para a resistência. Esse QTL possui grande potencial para utilização na seleção assistida visando a introgressão da resistência à helmintosporiose em linhagens de sorgo.

Termos de indexação: *Exserohilum turcicum*, *Sorghum bicolor*, mapeamento por múltiplos intervalos.

INTRODUÇÃO

Nos últimos anos a cultura do sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) vem atingindo aumentos expressivos em área plantada. Dentre os fatores que afetam a produtividade da cultura tem-se as doenças foliares, sendo a helmintosporiose, causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* (Pass), uma das mais destrutivas. Perdas na produção podem ser superiores a 50%, quando ocorrem em cultivares suscetíveis, antes da emergência das

panículas (Mittal & Boora, 2005). A principal forma de controle é por meio do uso de cultivares resistentes.

Caracteres quantitativos geralmente apresentam elevada influência de fatores ambientais, o que na maioria das vezes dificulta a fenotipagem. Dessa forma, a seleção indireta com base em marcadores moleculares é uma estratégia desejável para o desenvolvimento de cultivares resistentes. Para isso, é importante o mapeamento de caracteres de herança quantitativa, com a identificação de marcadores que co-segregam com os genes de resistência. QTLs associados a doenças foliares causadas por fungos, como mancha zonada (*Gloeocercospora sorghi*), mancha alvo (*Bipolaris sorghicola*), mancha de drechslera (*Drechslera australiensis*), antracnose (*Colletotrichum sublineola*) e ferrugem (*Puccinia purpurea*) (Mohan et al., 2009, 2010), têm sido identificados. Em relação à helmintosporiose, os estudos são muito escassos, tendo sido relatado apenas marcas simples associadas com a resistência à helmintosporiose (Beshir et al., 2016).

Marcadores moleculares associados com a resistência podem ser usados no melhoramento assistido por marcadores. No entanto, estão disponíveis ainda limitadas informações em relação à identificação de genes ou QTLs associados com a resistência à helmintosporiose (*E. turcicum*). Assim, objetivou-se neste trabalho mapear possíveis QTLs relacionados com a resistência do sorgo a helmintosporiose.

MATERIAL E MÉTODOS

Material Genético

Foram utilizadas 393 linhagens endogâmicas recombinantes (RILs), obtidas após 9 ciclos de autofecundação pelo método de descendência por semente única (SSD, Brim, 1966), a partir do cruzamento entre as linhagens BR007B (suscetível) e SC283 (resistente).

Avaliação Fenotípica

O experimento foi conduzido em condições de campo na Embrapa Milho e Sorgo, em dois anos distintos. As RILs foram avaliadas no delineamento em látice 10x10 com quatro repetições, e duas testemunhas por bloco, sendo cada bloco composto por 12 genótipos. As testemunhas foram as linhagens genitoras BR007B (suscetível) e SC283 (resistente). As parcelas experimentais foram constituídas por uma fileira de 4 metros espaçadas de 0.7 metros.

As avaliações fenotípicas para helmintosporiose foram realizadas classificando por notas os níveis de suscetibilidade e resistência, na escala de 1 (resistente) a 5 (suscetível).

A análise dos dados foi realizada com base na abordagem de modelos mistos, para a obtenção de médias ajustadas via BLUPs (*Best Linear Unbiased Prediction*), que foram utilizadas no mapeamento de QTLs.

Obtenção dos marcadores SNP

A genotipagem das RILs foi realizada pelo Genomic Diversity Facility da Universidade de Cornell, com base na técnica de genotipagem por sequenciamento (GBS, do inglês *Genotyping-by-Sequencing*), conforme descrito por Elshire et al. (2011).

Mapamento de QTLs

O mapeamento genético foi realizado através do software OneQTL, que está sendo desenvolvido para a plataforma R (R Core Team, 2014), considerando a estratégia de mapeamento por múltiplos locos a partir da aproximação de Haley & Knott (Haley & Knott, 1992).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Um total de 73.186 SNPs foram utilizados no mapeamento de QTLs, permitindo identificar cinco QTLs associados com a resistência à helmintosporiose na população de RILs, localizados nos cromossomos 1, 2, 3, 6 e 9. Todos os alelos contribuindo para o aumento da resistência foram derivados do genitor resistente (Tabela 1).

Um QTL de efeito maior foi mapeado no cromossomo 1, explicando 53,35% da variância fenotípica para a resistência (Tabela 1). Além da

importância da magnitude desse QTL, nosso estudo foi o primeiro a identificar um QTL de grande efeito conferindo resistência à helmintosporiose em sorgo. Poucos são os relatos sobre QTLs associados a resistência à helmintosporiose em sorgo. Beshir et al. 2016, utilizando análise por marcas simples, identificaram o marcador SSR Xtxp95 no cromossomo 6, associado com a resistência à Helmintosporiose em populações de sorgo derivadas do cruzamento entre MUC007/009 (resistente) e Epuripuri (suscetível).

CONCLUSÕES

O QTL explicando 53,35% da resistência à helmintosporiose, identificado no cromossomo 1 de sorgo, apresenta elevado potencial para utilização na seleção assistida por marcadores moleculares visando a sua introgressão em linhagens de sorgo suscetíveis à helmintosporiose.

AGRADECIMENTOS

Em nome do técnico agrícola Geraldo Magela da Silva, agradecemos a equipe do Melhoramento de Sorgo da Embrapa Milho e Sorgo, pelo suporte na condução dos experimentos de campo. Suporte financeiro: Fapemig e Embrapa.

REFERÊNCIAS

BESHIR, M. M.; ALI, A. M.; RUBAIHAYO, P.; AHMED, N. E.; OKORI, P. Simple Sequence Repeat Markers Associated With Anthracnose and Turicum Leaf Blight Resistance In Sorghum. **African Crop Science Journal**, v. 24, n. 1, p. 97-107, 2016.

BRIM, C. A. A modified pedigree method of section in soybeans. **Crop Science**, v. 6, 1996.

ELSHIRE, R. J.; GLAUBITZ, J. C.; SUN, Q.; POLAND, J. A.; KAWAMOTO, K.; BUCKLER, E. S.; MITCHELL, S. E. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. **PLoS One**. v. 6, n. 5, 2011.

HALEY, C. S.; KNOTT, S. A. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. **Heredity**, p. 315-324, 1992.

R Core Team (R version 3.1.1). The R project for statistical computing. Disponível em: <<http://www.r-project.org/index.html>>. Acesso em: 12 agosto de 2015.

MITTAL, M.; BOORA, K. S. Molecular tagging of gene conferring leaf blight resistance using microsatellites in

sorghum { *Sorghum bicolor* (L.) Moench}. **Indian J Exp Biol**, v. 43, p:462–466, 2005.

MOHAN, S. M.; MADHUSUDHANA, R.; MATHUR, K.; 2 , HOWARTH, C. J.; SRINIVAS, G.; SATISH, K.; REDDY, R. N.; SEETHARAMA, N. Short Communication Co-localization of quantitative trait loci for foliar disease resistance in sorghum. **Plant Breeding**, v. 128, p.532-535, 2009.

MOHAN, S. M.; MADHUSUDHANA, R.; MATHUR, K.; CHAKRAVARTHI, D. V. N.; RATHORE, S.; NAGARAJA, R. R.; SATISH, K.; SRINIVAS, G.; MANI, S. N.; SEETHARAMA, N. Identification of quantitative trait loci associated with resistance to foliar diseases in sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]. **Euphytica**, v. 176, p. 199-211, 2010.

Tabela 1. Cromossomo, posição (pb), intervalo de confiança (pb), razão entre variância do QTL e variância fenotípica (RV %) e LOD para os QTLs obtidos para a população de RILs derivada do cruzamento entre BR007B e SC283.

QTL	Cromossomo	Posição (pb)	Intervalo de Confiança (pb)	Efeito Alélico	RV %	LOD
1	1	25114569	25057775 - 27020390	-0.72	53.35	84.29
2	2	69974414	69063816 - 70048994	-0.14	1.95	11.31
3	3	7505056	7304646 - 7505469	-0.17	3.08	8.21
4	6	42445156	42164014 - 45264765	-0.19	3.80	9.95
5	9	56461586	56371855 - 57337482	-0.26	6.70	20.76