



Seleção Assistida por Marcadores Moleculares para ferrugem e CBD em uma população F_2 de *Coffea arabica*

Ana Carolina Andrade Silva¹; Eveline Teixeira Caixeta²; Leticia de Faria Silva³; Francielle de Matos Feitosa⁴

¹Doutoranda em Genética e Melhoramento/UFV; ² Pesquisadora, DSc, Embrapa Café; ³ Doutoranda em Genética e Melhoramento/UFV;

⁴ Doutoranda em Genética e Melhoramento/UFV.

ana.c.andrade@ufv.br; eveline.caixeta@embrapa.br; leticia.f.faria@ufv.br; franciellefeitosa@hotmail.com

Centro de Ciências Agrárias – Genética

Categoria do Trabalho: Pesquisa

SAM, *Coffea*, marcadores moleculares

Introdução

A incidência de doenças em lavouras de café arábica, tais como a ferrugem causada pelo fungo *Hemileia vastatrix* e Coffe Berry Disease (CBD) causada pelo fungo *Colletotrichum kahawae*, destacam-se entre os fatores que limitam a sua produtividade. O melhoramento genético é uma solução de grande valia para a obtenção de cultivares resistentes a estes agentes bióticos. Algumas estratégias, tal como a Seleção Assistida por Marcadores Moleculares (SAM) são adotadas dentro dos programas de melhoramento, com o intuito de obter maior eficiência e acelerar a seleção de genótipos resistentes.

Objetivos

Objetivou-se implementar a SAM em uma população F_2 de *C. arabica* para identificar cafeeiros contendo diferentes genes de resistência à *H. vastatrix* e à *C. Kahawae*.

Material e Métodos

Os cafeeiros avaliados pertencem ao Programa de Melhoramento Genético do Cafeeiro desenvolvido pela Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) em parceria com a Universidade Federal de Viçosa (UFV) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa – Café). Foram extraídos DNA genômico de 69 plantas e posteriormente amplificados com marcadores moleculares associados a genes de resistência a ferrugem e a CBD. Para ferrugem utilizou-se marcadores ligados a três locos, sendo dois QTL correspondente a genes maiores de resistência as raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix* e um gene RGA (Disease Resistance Gene Analogs). Para CBD, utilizou-se dois marcadores que flanqueiam o gene de resistência CK-1.

Resultados e Discussão

Analisando os dados dos marcadores associados aos dois QTL, sugerem que todos cafeeiros da população possuem a marca de resistência para as raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix*, pois a presença de um alelo dominante em um dos dois locos é suficiente para que o indivíduo seja resistente. E para o gene RGA associado à resistência desse patógeno, 51 cafeeiros apresentaram a marca. Dos 69 cafeeiros analisados na população, 46 foram considerados portadores do gene Ck-1, no qual, 9 foram resistentes homozigotos e 37 resistentes heterozigotos, para ambos os marcadores. Os 19 cafeeiros restantes não apresentaram as marcas de resistência.

Conclusões

A SAM permitiu identificar 37 cafeeiros da população com piramidação de maior número de alelos de resistência à *H. vastatrix* e a *C. kahawae*. Esses cafeeiros podem ser utilizados como fonte de resistência para novos cruzamentos.

Apoio Financeiro



Agradecimentos

