

Passo Fundo, RS / Abril, 2026



Prospecção de alelos de resistência a doenças em trigo usando marcadores moleculares do tipo KASP

Gisele Abigail Montan Torres⁽¹⁾, Luciano Consoli⁽¹⁾, Ana Lídia Variani Bonato⁽²⁾, Eduardo Caierão⁽¹⁾ e Ricardo Lima de Castro⁽¹⁾

⁽¹⁾ Pesquisadores, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. ⁽²⁾ Ex-pesquisadora, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

Resumo — O trigo fornece para os seres humanos cerca de um quinto do total das calorias e proteínas da dieta, tendo papel muito importante para a segurança alimentar mundial. A ocorrência simultânea de diversas doenças impõe o desafio de desenvolver cultivares portadoras de múltiplos genes de resistência, e em ciclos de melhoramento reduzidos. O objetivo deste trabalho foi apresentar a combinação de alelos gênicos, relacionados à resistência às principais doenças que acometem a cultura do trigo no Brasil, de linhagens avaliadas nos Ensaio Preliminares em Rede (EPR) e de Valor de Cultivo e Uso (VCU) em 2021, bem como nos Blocos de Cruzamentos (BC) e nos Ensaio de VCU em 2023. A caracterização genotípica foi realizada por meio de marcadores moleculares do tipo KASP associados à resistência ao oídio, às ferrugens da folha, amarela e do colmo, à giberela e à brusone. QTLs/genes/alelos com baixa frequência de ocorrência (como é o caso da translocação 2NS e do gene *Fhb1*) indicam perspectivas positivas para sua introgressão nas novas linhagens de trigo. Entretanto, como o presente estudo não incluiu dados fenotípicos de reação às doenças, não foi possível realizar análises de associação entre os marcadores avaliados e as características de resistência. O trabalho disponibiliza um conjunto de 75 marcadores moleculares relacionados à resistência às principais doenças da cultura de trigo no País. Estes marcadores são prontamente aplicáveis à caracterização de germoplasma, promovendo maior eficiência, com redução do tempo de geração, na seleção de linhagens de trigo para as condições de cultivo no Brasil.

Termos para indexação: *Triticum aestivum*, genotipagem, biotecnologia.

Prospecting for disease resistance alleles in wheat using KASP molecular markers

Abstract — Wheat provides humans with approximately one-fifth of the total dietary calories and proteins, thus playing a crucial role in global food security. The simultaneous occurrence of multiple diseases poses a challenge to the development of cultivars carrying multiple resistance genes within shortened breeding cycles. The objective of this study was to present the combination of resistance-related alleles to the main diseases affecting wheat in Brazil in breeding lines evaluated in the Preliminary Network Trials (PNT) and Value for Cultivation and Use (VCU) trials in 2021, as well as in the Crossing Blocks (CB) and VCU trials in 2023. Genotypic characterization was performed using KASP molecular markers associated with resistance to powdery mildew, leaf rust, stripe rust, stem rust, Fusarium head blight and wheat blast.

Embrapa Trigo
Rodovia BR-285, km 294
Caixa Postal 78
99001-970 Passo Fundo, RS
www.embrapa.br/trigo
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações

Presidente

Daniel Augusto Schurt

Membros

Alaerto Luiz Marcolan, Alexandre
Ferreira do Nascimento, Alvadi
Antonio Balbinot Junior, Gilberto
Rocca da Cunha, João Leonardo
Fernandes Pires, Jorge Alberto
de Gouvêa, Joseani Mesquita
Antunes e Sandra Maria Mansur
Scagliusi

Normalização bibliográfica

Graciela Olivella Oliveira
(CRB-10/1434)

Projeto gráfico

Leandro Sousa Fazio

Diagramação

Márcia Barrocas Moreira Pimentel

Publicação digital: PDF

Todos os direitos
reservados à Embrapa.

QTL/genes/alleles with low frequency of occurrence - such as the 2NS translocation and the *Fhb1* gene - indicate positive prospects for their introgression into new wheat lines. The absence of phenotypic data precludes gene-trait association analyses. This study provides a set of 75 molecular markers related to resistance to the main wheat diseases in Brazil. These markers are readily applicable to germplasm characterization, enhancing selection efficiency and reducing breeding cycle for the development of wheat lines adapted to Brazilian growing conditions.

Index terms: *Triticum aestivum*, genotyping, biotechnology.

Introdução

Diante das projeções de crescimento populacional, que indicam cerca de 9 bilhões de pessoas até 2050, estima-se que a produção de alimentos precise aumentar em aproximadamente 60% para suprir a demanda global (Wheat Initiative, 2026). A segurança alimentar mundial depende, dentre outros cereais, do trigo, que tem papel preponderante com base em sua produção, consumo e contribuição para nutrição e saúde. Na alimentação humana e animal, o trigo fornece carboidratos, proteínas, fibras e nutrientes essenciais, sendo responsável pelo aporte de cerca de 20% das calorias consumidas na alimentação humana (Shewry; Hey, 2019).

O trigo é cultivado sob condições ambientais que variam quanto a latitudes, altitudes, além de práticas de rotação de culturas e produção (Singh et al., 2025). Esse fato faz com que a cultura esteja sujeita a diferentes doenças causadas principalmente por fungos de hábitos biotróficos, hemi-biotróficos e necrotróficos. Estima-se que as perdas de rendimento devidas à incidência de doenças oscilem entre 10 e 28% (Savary et al., 2019). No cenário de mudanças climáticas, modelos de previsão apontam a expansão da ocorrência de doenças em trigo (Pequeno et al., 2024). O uso da resistência genética face a diferentes patógenos é uma abordagem promissora para o controle, por ter menor custo e ser ambientalmente seguro. Cultivares resistentes têm impacto epidemiológico, na medida em que restringem a disseminação como a reprodução dos patógenos. Além disso, ela contribui para a redução do uso de fungicidas, contribuindo para sistemas de produção mais sustentáveis.

O desenvolvimento de linhagens melhoradas tem sido conduzido graças a hibridizações tradicionais conduzidas pelos programas de melhoramento, sem o conhecimento molecular de herança das características de interesse (Sun et al., 2020). Esta

estratégia é, no entanto, laboriosa e dispendiosa de tempo. A seleção fenotípica pode apresentar limitações de ordem prática, uma vez que a identificação de genótipos portadores de combinações de múltiplos genes de interesse é complexa. Essa limitação é agravada pelo fato de diversas doenças incidirem concomitantemente sobre a cultura.

A disponibilidade de uso de marcadores moleculares facilitaria o processo de seleção de linhagens com alelos favoráveis, promovendo a piramidação de genes de forma mais efetiva, inclusive na ausência de dados fenotípicos (Toth et al., 2019). Entretanto, antes que seja possível realizar essa piramidação gênica, é fundamental ter o conhecimento da diversidade alélica destes marcadores nos genótipos disponíveis.

O objetivo deste trabalho foi o de apresentar a combinação de alelos gênicos, relacionados à resistência às principais doenças de trigo na fase vegetativa (oídio e ferrugens) e na reprodutiva (giberela e brusone), de linhagens de trigo avaliadas nos Ensaio Preliminares em Rede (EPR) e nos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) no ano de 2021, e nos Blocos de Cruzamentos (BC) e nos Ensaio de VCU no ano de 2023. Este trabalho está em conformidade com os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) 2 e 12. O ODS 2 tem como propósito acabar com a fome, alcançar a segurança alimentar e a melhoria da nutrição e promover a agricultura sustentável. Já o ODS 12 visa assegurar padrões de produção e de consumo sustentáveis.

Material e métodos

Para a caracterização dos alelos gênicos relacionados à resistência a doenças, foram empregados marcadores do tipo KASP (Kompetitive allele-specific PCR), que têm como alvo SNP (polimorfismos do tipo nucleotídeo único). Este método tem alta especificidade, alta acurácia, requer menos tempo e é menos laborioso. A metodologia empregada foi de acordo com Ferreira et al. (2021). Na Tabela 1, são apresentados os genes/QTLs associados à resistência a doenças caracterizados com marcadores moleculares nas atividades de genotipagem. Ao todo, foram analisados 75 marcadores moleculares.

Já na Tabela 2, é apresentada a localização cromossômica destes marcadores moleculares relacionados à resistência ao oídio, às ferrugens, à giberela e à brusone. Para as doenças de espiga, com danos diretos sobre a produção de grãos de trigo, foram caracterizados 22 marcadores para giberela e 26 para brusone, que são as principais limitações de ordem biótica nas regiões do Sul do País e do Brasil Central, respectivamente.

Tabela 1. Genes/QTLs associados à resistência a doenças para os quais foram caracterizados marcadores moleculares em genótipos de trigo avaliados nos Ensaios Preliminares em Rede (EPR) e nos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) no ano de 2021, e nos de Blocos de Cruzamentos (BC) e de VCU no ano de 2023.

Genes/Locos	Número de marcadores
<i>PmTx45/brusone*</i>	1
<i>Pm6/brusone*/Sr36</i>	2
<i>Pm5e</i>	1
<i>Pm61</i>	2
<i>Pm8/Lr26/Yr9</i>	1
<i>Lr14/brusone*</i>	1
<i>Lr16</i>	2
<i>Lr20/Sr15</i>	2
<i>Lr21</i>	1
<i>Lr23/Yr27</i>	1
<i>Lr27/Sr2</i>	1
<i>Lr34/Yr18/Sr57/Bdv1</i>	1
<i>Lr37/Yr17/Sr38</i>	2
<i>Lr47</i>	1
<i>Lr58</i>	2
<i>Lr67/Yr46</i>	1
<i>Lr68/brusone*</i>	1
<i>Yr5</i>	1
<i>Yr15</i>	1
<i>Yr36</i>	1
<i>Sr13</i>	1
FHB/QTL.2B	2
FHB/QTL.2D	2
FHB/QTL.4A	1
FHB/QTL.4B	1
FHB/QTL.5A	1
FHB/QTL.7A	2
<i>FHB1</i>	3
<i>FHB2</i>	3
<i>FHB4</i>	3
<i>FHB5</i>	3
<i>FHB6</i>	1
<i>Cre8</i>	1
<i>Tsn1</i>	1
<i>Rwt4.1B</i>	1
<i>Rwt4.1D</i>	1
<i>Rwt3.1D</i>	1
Brusone/2B	1
Brusone/GWAS.1B	2
Brusone/GWAS.1D	1
Brusone/GWAS.3B	1
Brusone/QTL.4A	1
Brusone/QTL.4B	7
Brusone/QTL.5A	1
Brusone/QTL.5B	6
Brusone/QTL.7B	1
Total de marcadores	75

Tabela 2. Localização cromossômica dos marcadores moleculares de genes/QTLs associados à resistência a doenças caracterizados em genótipos de trigo avaliados nos Ensaios Preliminares em Rede (EPR) e nos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) no ano de 2021, e nos de Blocos de Cruzamentos (BC) e nos de VCU no ano de 2023.

	Oídio	Ferrugens	Giberela	Brusone	Outras
1A			1		
1B		2		3	
1D		1		3	
2AS(2NS)				2	
2B	2	6	2	1	
2D			2		
3B		1	3	1	
4A	2		1	1	
4B	1		4	7	
4D		1			
5A			4	1	
5B				6	1
6A		1			
6B		1	3		1
7A		3	2		
7B	1	2		1	
7D		1			
Número de marcadores	6	19	22	26	2
Total de marcadores			75		

Na sequência, são apresentadas resumidamente informações básicas sobre os principais destes alelos.

Alelos favoráveis de resistência ao oídio

Pm61: Este gene foi inicialmente identificado na *landrace* chinesa Xuxusanyuehuang. Ele está localizado no braço longo do cromossomo 4A (4AL), é recessivo e confere resistência no estágio de plântulas frente a alguns isolados de *Bg* (Sun et al., 2018).

pm5e: Originalmente, *Pm5* havia sido identificado na cultivar de trigo 'Hope', e revelou-se estar ligado ao gene de resistência à ferrugem do colmo *Sr17*. *Pm5* está localizado no braço longo do cromossomo 7B (7BL) e amplamente presente entre cultivares e *landraces* da China e da Europa. A denominação *Pm5* mudou para *Pm5a*, pois vários alelos foram identificados no loco *Pm5*. A linhagem 'Fuzhuang 30', portadora do alelo *Pm5e*, foi selecionada a partir do cruzamento de duas *landraces* chinesas, revelando-se como uma valiosa fonte de resistência ao oídio, resistência esta que perdurou por mais de 80 anos (Xie et al., 2020). Trata-se de um gene recessivo, designado como *pm5e*, que confere resistência a esta linhagem (Huang et al., 2003).

PmTx45/brusone*: O gene *PmTx45* foi identificado na cultivar chinesa 'Tian Xuan 45' e localizado

no braço longo do cromossomo 4B (4BL). Ele se caracteriza por ser um único loco recessivo, e por conferir resistência moderada ao oídio no estágio de plântula. Essa resistência é particularmente efetiva contra o isolado HY5 que se mostrou altamente virulento em 77% das cultivares de trigo chinesas caracterizadas. A presença deste gene de resistência foi avaliada como sendo rara (Chao et al., 2019). O(s) gene(s)/alelo(s) favorável(éis) para resistência à brusone associados ao marcador considerado no estudo ainda não foi(foram) caracterizado(s).

Alelos favoráveis de resistência às ferrugens

Lr23/Yr27: *Lr23* foi originalmente descrito em trigo *durum* (cultivar Gaza), localizado no braço curto do cromossomo B (2BS). Quando combinado a outros genes de resistência oferece resistência efetiva. Os marcadores moleculares ligados a *Lr23*, neste trabalho, podem ser empregados tanto para *screening* de coleções de germoplasma quanto para se confirmar a postulação da presença deste gene. **Yr27:** confere resistência do tipo ASR, o que possibilita ser identificada no estágio de plântula e facilmente empregada em fenotipagens de programas de melhoramento. Porém, esse tipo de resistência é geralmente superado por novas raças do patógeno. Em estudo de Mu et al. (2020), determinou-se que o

QTL onde estão localizados *Yr27* e *Yr31* está ligado à resistência a campo.

Pm1Lr27/Sr2: este é um loco de resistência múltipla, que também confere resistência ao oídio, porém que ainda não teve um gene *Pm* claramente identificado. ***Lr27***: co-segrega com o gene *Sr2*; tanto o loco de *Lr27* quanto o de *Sr2* estão localizados no braço curto do cromossomo 3B (3BS), conferindo resistência específica a alguns isolados do patógeno, *Puccinia triticina*; ele requer, para sua expressão, o gene complementar *Lr31* situado no braço curto do cromossomo 4B (4BS) (evidências indicam que *Lr31*, por sua vez, pode ser idêntico a *Lr12*) (Mago et al., 2011). ***Sr2***: foi inicialmente transferido de *Triticum dicoccum* para a cultivar de trigo comum Marquis. Por cruzamentos inter-específicos, foi desenvolvida a cultivar Hope, então empregada como doadora do *Sr2* em programas de melhoramento da América do Norte e do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (*Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo* - CIMMYT). Este gene é efetivo somente no estágio de planta adulta, conferindo resistência a todos os patótipos descritos até 2011, incluindo a raça Ug99 (Mago et al., 2011). É um gene difícil de ser selecionado fenotipicamente, devido a uma resposta de resistência moderada a campo, e ao fato da ação do gene ser recessiva. As funções de resistência do loco *Sr2*, inclusive, são contrastadas com as do gene de resistência de planta adulta (*adult plant resistance*, APR) *Lr34* (Mago et al., 2011).

Pm38/Lr34/Sr57/Yr18/Bdv1: ***Lr34***: localizado no braço curto do cromossomo 7D (7DS), confere resistência não específica contra vários patógenos incluindo os das ferrugens (da folha, do colmo e amarela), o do oídio, e ainda o vírus do nanismo amarelo da cevada (Krattinger et al., 2009). ***Lr34*** é um gene de APR, mas que é menos efetivo sob altas temperaturas. Por conferir resistências duráveis (por mais de 50 anos – Krattinger et al. (2009)), é considerado mundialmente um dos genes de resistência mais importantes. Folhas bandeira em acessos de trigo portadores de *Lr34* apresentam uma necrose em suas pontas (sintoma denominado de *leaf tip necrosis*, gene denominado *Ltn1*). No entanto, há casos de acessos de trigo que possuem o alelo favorável do gene *Ltn1*, e apresentam fenótipo de suscetibilidade frente a determinados patótipos das ferrugens. ***Yr18***: confere resistência parcial à ferrugem amarela em plantas adultas, sem garantir imunidade completa, mas reduzindo a severidade da doença. É considerado um gene de resistência durável, porém tem ação sinérgica com outros genes. ***Sr57***: sua ação tem efeito aditivo, e sua eficácia

é aumentada quando combinada com outros genes, como *Sr58* e *Sr2*. ***Pm38***: confere APR e resistência de amplo espectro frente a diferentes patótipos do agente causal do oídio. Por seguir herança Mendeliana e ter grande efeito, *Pm38* é considerado um gene 'maior'. Diferentemente da maioria dos genes de resistência ao oídio, *Pm38* não codifica para proteínas receptoras NLR do tipo CNL (Xie et al., 2020). ***Bdv1***: é o único gene de resistência ao vírus do nanismo amarelo da cevada (*Barley Yellow Dwarf Virus*, BYDV) reportado em trigo, tendo sido inicialmente identificado na cultivar Anza (Singh et al., 1993). *Bdv1* está localizado no braço curto do cromossomo 7D (7DS) e a resistência conferida por ele manifesta-se pela redução dos sintomas foliares da doença. Porém, ele não é efetivo em promover proteção ao rendimento de biomassa ou de grãos.

Pm6/brusone*/Sr36: ***Pm6***: O gene *Pm6* foi amplamente utilizado em programas de melhoramento. Muito provavelmente, ele deriva da recombinação entre o genoma B do trigo e o genoma G de *T. timopheevii* (espécie de trigo tetraploide selvagem). *Pm6* está em ligação com o gene de resistência *Sr36*, e está localizado no braço longo do cromossomo 2B (2BL). *Pm6* é altamente expresso desde o estágio de três folhas, sendo moderadamente efetivo em plântulas. Apesar disso, sua ocorrência parece ser limitada, pois Khalid et al. (2019) não detectaram sua presença entre os 213 genótipos de trigo analisados. ***Sr36***: localiza-se no braço curto do cromossomo 2B (2BS), e é derivado de *T. timopheevii*. Confere resistência específica, tendo sido eficaz contra várias raças de *P. graminis* f. sp. *tritici*. No entanto, a Ug99, por exemplo, foi uma das raças do patógeno com capacidade para superar a resistência por ele conferida. Por sua vez, o(s) gene(s)/alelo(s) favorável(éis) para resistência à brusone associados ao marcador considerado no estudo ainda não foi(foram) caracterizado(s).

Translocação 1BL:1RS: o fragmento do braço curto do cromossomo 1R (1RS) do centeio, introgridido no genoma do trigo, possui cluster de genes de resistência a várias doenças: *Pm8*, *Lr26*, *Sr31* e *Yr9*. Além destes, contém genes que conferem altos rendimentos, adaptabilidade e tolerância a estresses bióticos e abióticos, notadamente ao estresse hídrico. Por outro lado, sua presença tem efeito negativo sobre a qualidade de panificação (Korobkova et al., 2023).

Lr47/translocação 7A/7S:1RS: um segmento do braço curto do cromossomo 7S (denominado 7S#1) de *Ae. speltoides* foi transferido para o braço curto do cromossomo 7A (7AS) do trigo. Este segmento introgridido contém o gene de resistência à

ferrugem da folha *Lr47*, efetivo contra um grande número de isolados do patógeno, e expresso em todos os estádios de desenvolvimento da planta. *Lr47* situa-se em um loco complexo contendo cluster de genes codificando para proteínas do tipo NLR. Um dos genes candidatos para *Lr47* foi confirmado tratar-se de proteína NLR (Li et al., 2023).

Alelos favoráveis de resistência à giberela

Dentre os resultados obtidos neste estudo, foi possível identificar diversos QTLs com efeitos variados, classificados em três tipos principais de resistência à FHB: fisiológica (ativa), associada ao desenvolvimento (passiva/escape) e específica à micotoxina (tipo V). A seguir, são apresentadas informações sucintas sobre os QTLs de maior e de menor efeito, os respectivos genes de resistência associados, assim como os tipos de resistência à doença.

QTLs de maior efeito (de efeito significativo e consistente):

Fhb1: localizado no braço curto do cromossomo 3B (3BS), conferindo resistência fisiológica ativa. É o QTL de resistência à FHB mais extensivamente caracterizado. Promove a diminuição da severidade da doença, dos grãos danificados pelo patógeno e da micotoxina desoxinivalenol (DON). Este QTL é considerado primordial para a detoxificação de DON (Li et al., 2019).

Fhb6: confere resistência fisiológica ativa, caracterizada pela restrição ao desenvolvimento da doença (redução da severidade de FHB), após o já estabelecido processo infeccioso em espigas de trigo. É um gene principal transferido de *E. tsukushiensis* para o trigo por engenharia cromossômica e está localizado no braço curto do cromossomo 1Ets#1S (Cainong et al., 2015).

Rht-B1a (alelo selvagem do gene semi-anão): associado à resistência ao desenvolvimento do patógeno na planta (tipo de resistência passiva/escape). Este QTL está localizado no braço curto do cromossomo 4B (4BS) e é o que mais contribui com a resistência observada em condições de campo. Este atributo está relacionado à altura de planta. Plantas mais altas são mais resistentes (Goddard et al., 2021).

QME.Don.jic-4B com o(s) respectivo(s) gene(s) ainda não nomeado(s): neste QTL está presente um gene codificando para uma possível glicosiltransferase dependente de uridina difosfato (*uridine diphosphate-glycosyltransferase* – UGT). Essas enzimas pertencem à superfamília UGT e catalisam a transferência de unidades de açúcar ativadas (como UDP-glucose) para diversas moléculas, incluindo metabólitos secundários, hormônios e

compostos de defesa. Este QTL promove a redução do acúmulo de DON, explicando 17,5% da variação fenotípica, e está localizado no braço longo do cromossomo 4B (4BL) (Xue et al., 2010).

QTL localizado no braço curto do cromossomo 2D (2DS) confere resistência fisiológica ativa e ao acúmulo de DON. Apresenta gene putativo para uma proteína associada à resistência a múltiplos fármacos (*Multidrug Resistance-associated Protein* - MRP), que pertence à família de transportadores ABC (*ATP-Binding Cassette*). O gene MRP é um candidato para a resistência via detoxificação de DON (Hu et al., 2019), e em plantas, os genes codificando para estas proteínas, são fundamentais para modificação, detoxificação e armazenamento de metabólitos.

QTLs de menor efeito (minorias ou de efeito moderado/localizado):

Fhb5 (ou *Qfhs.ifa-5A*): localizado no braço curto do cromossomo 5A (5AS), confere resistência fisiológica ativa. Em parte dos ambientes onde foram conduzidos experimentos, *Fhb5* demonstrou ter efeitos menores sobre a redução da severidade da doença e sobre os níveis de DON (Buerstmayr et al., 2018).

Fhb2 (provável): localizado no braço curto do cromossomo 6B (6BS), também confere resistência fisiológica ativa, apresenta estabilidade com efeito menor a moderado, e explica de 6,9 a 11,1% da variação fenotípica.

Ppd-A1* e *Ppd-B1 são genes relacionados a respostas ao fotoperíodo. Estão localizados nos braços curtos dos cromossomos 2A e 2B (2AS e 2BS), respectivamente. Conferem resistência associada ao desenvolvimento, estão colocalizados com genes que controlam a velocidade de desenvolvimento da flor e contribuem para grandes efeitos sobre a redução de DON e dos grãos danificados por *Fusarium* (*Fusarium-Damaged Kernels* - FDK) (Cai et al., 2016).

Dois QTLs ainda não nomeados: relacionados à resistência associada à restrição do desenvolvimento da doença. O primeiro deles (no 4AL) colocalizou com um dos maiores QTLs para dias até a antese, mas com forte influência do ambiente. O outro (no 7DL) tem efeito menor, explicando de 5,6 a 7,5% da variação fenotípica (Goddard et al., 2021).

Alelos favoráveis de resistência à brusone

***Rwt4* (sinônimo de *Rmg1*) e *Rwt3* (sinônimo de *Rmg6*)**

Ambos os genes (*Rwt4/Rmg1* e *Rwt3/Rmg6*) conferem resistência a patótipos de *Magnaporthe oryzae* não pertencentes ao patótipo *Triticum*.

Enquanto *Rmg1* confere resistência a isolados obtidos de aveia, *Rmg6* é efetivo contra isolados de azevém. *Rwt4/Rmg1* e *Rwt3/Rmg6* foram inicialmente descritos na cultivar de trigo Norin 4 e estão localizados no cromossomo 1D de trigo. Ambos os genes conferem resistência tanto no estádio de plântulas quanto no de espigas (Inoue et al., 2017). Porém, *Rmg6* é sensível a temperatura, sendo ineficaz em temperaturas superiores a 25 °C. *Rwt4/Rmg1* e *Rwt3/Rmg6* foram identificados em 94,4 e 72,2%, respectivamente, dentre 36 cultivares brasileiras de trigo analisadas (Inoue et al., 2017).

2NS:2AS/Lr37/Sr38/Yr17: Trabalho de 2016 (Cruz et al., 2016) identificou associação da resistência à brusone em espigas e a presença de uma translocação cromossômica oriunda de *Triticum ventricosum* (sinônimo de *Aegilops ventricosa*). Observou-se redução da severidade da doença tanto em genótipos de trigo de primavera como de inverno. Nesta translocação, localizam-se genes de resistência a outras doenças de trigo, como as ferrugens da folha (*Lr37*), do colmo (*Sr38*) e amarela (*Yr*), além de genes de resistência a espécies de nematoides (*Heterodera avenae* – *Cre5*; e *Meloidogyne* spp. – *Rkn3*).

Brusone*/*Lr14*: Dois genes causando reação do tipo mesotética (em que vários tipos de lesão são apresentados pelas plantas infectadas) em trigo foram identificados. Estes dois genes são, na verdade, dois alelos presentes no loco ***Lr14*: *Lr14a* e *Lr14b***. *Lr14a* é oriundo da cultivar Yaroslav de trigo *emmer* e transferida para as linhagens Hope e H-44 de trigo comum. Especificamente ***Lr14a*** está ligado a genes de resistência à ferrugem do colmo (*Sr17*) e ao oídio (*Pm5*), estando localizado no braço longo do cromossomo 7B (7BL). *Lr14a* codifica uma proteína localizada na membrana, contendo doze repetições anquirina (ANK) e com similaridades estruturais a canais de cátions não seletivos permeáveis a Ca²⁺. O gene ***Lr14b***, também localizado no 7BL, foi originalmente transferido para a cultivar Thatcher a partir da cultivar sul-americana Maria Escobar. Maria Escobar carrega o gene estreitamente ligado *Lr68* que confere, por sua vez, APR. Esta ligação explicaria porque uma quase-isolinha de Thatcher para *Lr14b* (RL6006) apresentou resistência em planta adulta nos ensaios de campo (Herrera-Foessel et al., 2012). Estudos indicam que a efetividade da resistência conferida por *Lr14b* é sensível a temperaturas mais elevadas (Herrera-Foessel et al., 2012). Aquele(s) gene(s)/alelo(s) favorável(éis) para resistência à brusone associados ao marcador considerado no estudo ainda não foi(foram) caracterizado(s).

Brusone*/*Lr68*: Presente na cultivar de trigo Parula, ***Lr68*** confere alto nível de resistência, do tipo APR, frente às três ferrugens do trigo (Herrera-Foessel et al., 2012). *Lr68* confere resistência de progresso lento da ferrugem da folha (Zhang et al., 2019). A origem do gene *Lr68* é provavelmente a cultivar de trigo brasileira Frontana, que está presente no pedigree de Parula e também de vários outros trigos do Cimmyt (Herrera-Foessel et al., 2012). Os estudos são contraditórios se a expressão do gene *Lr68* se dá de maneira mais efetiva sob baixas temperaturas.

Resultados e discussão

Nas Figuras 1, 2 e 3, são apresentadas a frequência de alelos favoráveis de resistência à brusone e ao oídio, às ferrugens, e à giberela, respectivamente, associados a marcadores moleculares e o número de genótipos de trigo avaliados.

No tocante à brusone, pode-se dizer que cerca de metade dos QTLs considerados não foram detectados nas linhagens de trigo avaliadas. A ausência de dados fenotípicos da reação destas linhagens frente à brusone inviabiliza a associação de quais seriam os alelos favoráveis relacionados à resistência à doença. Os outros 50% dos marcadores associados a QTLs têm frequências variando de 25 a 65%. Notadamente quanto à 2NS, foram caracterizados dois marcadores que apresentaram frequências similares (10 e 15%), mas que, de modo geral, ainda têm ocorrência restrita nas linhagens consideradas no estudo, e que são as mais recentes dentre as desenvolvidas pela empresa.

Rwt3 e *Rwt4* são genes identificados por conferirem ao trigo uma barreira de especificidade de hospedeiro. Esses genes são efetivos contra isolados de *Magnaporthe* spp. obtidos de azevém e de aveia, respectivamente. *Rwt3* apresentou frequência de aproximadamente 65%. Para o gene *Rwt4*, foram avaliados dois alelos favoráveis: um localizado no cromossomo 1D, com baixa frequência (inferior a 5%), e outro no cromossomo 1B, com frequência superior a 60%.

É desejável que cultivares de trigo apresentem os genes *Rwt3* e *Rwt4* introgridos, ambos associados à resistência do tipo não hospedeira (*non-host resistance*). A incorporação dessa resistência no trigo tende a ser mais efetiva a longo prazo. A ausência de um desses genes pode implicar em maior pressão de seleção sobre o patógeno. Na década de 1980, observou-se que, durante o cultivo extensivo da cultivar Anahuac 75, que não possui *Rwt3*, o patógeno apresentou mudança de hospedeiro, processo denominado *host jumping* (Inoue et al., 2017).

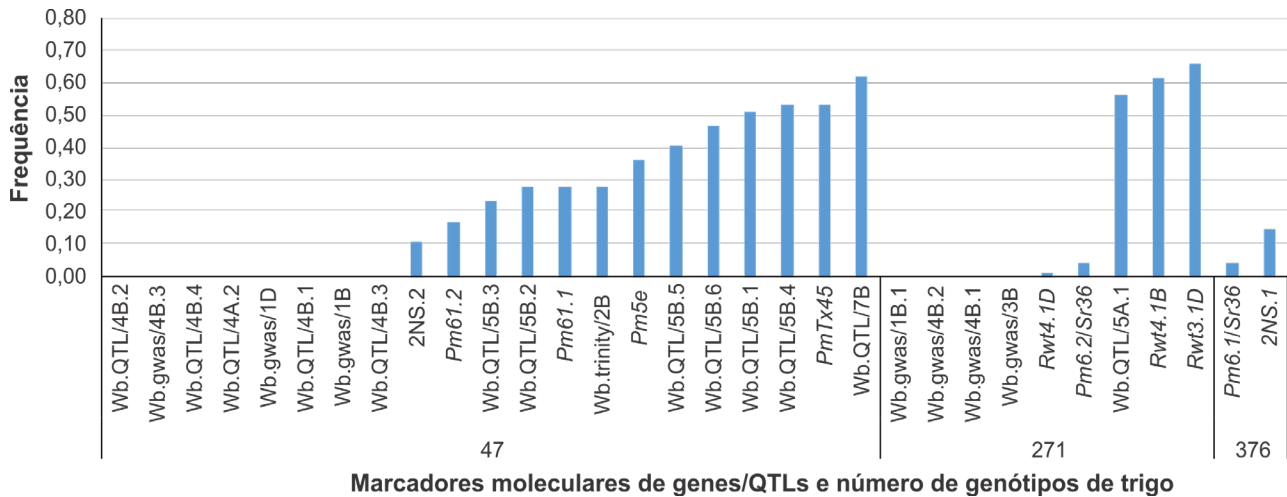


Figura 1. Frequência de alelos favoráveis de resistência à brusone e ao oídio associados a marcadores moleculares e número de genótipos de trigo avaliados nos Ensaio Preliminares em Rede (EPR) e nos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) no ano de 2021, e nos de Blocos de Cruzamentos (BC) e nos de VCU no ano de 2023.

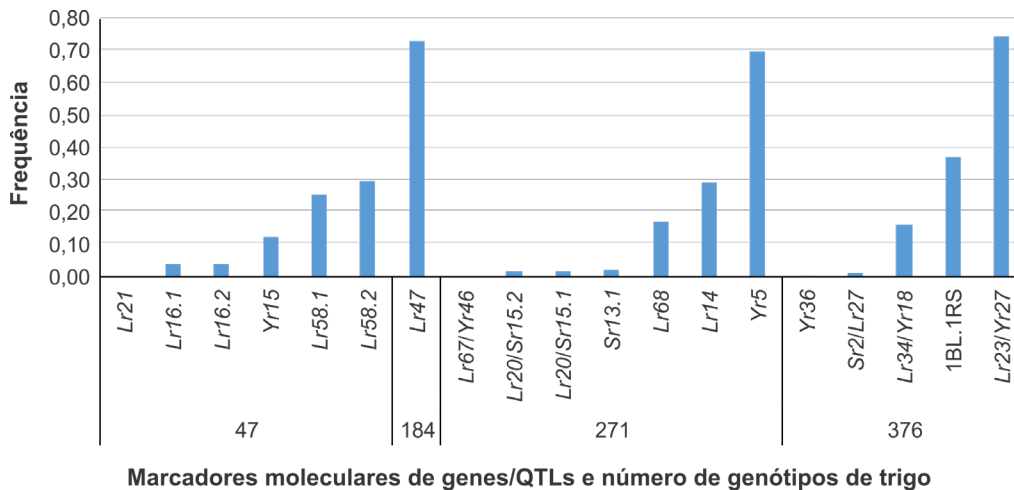


Figura 2. Frequência de alelos favoráveis de resistência às ferrugens associados a marcadores moleculares e número de genótipos de trigo avaliados nos Ensaio Preliminares em Rede (EPR) e nos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) no ano de 2021, e nos de Blocos de Cruzamentos (BC) e nos de VCU no ano de 2023.

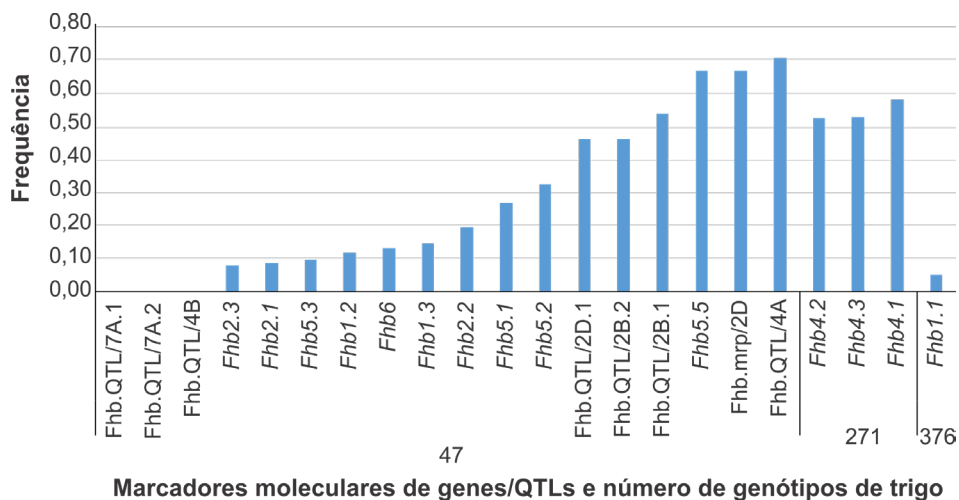


Figura 3. Frequência de alelos favoráveis de resistência à giberela associados a marcadores moleculares e número de genótipos de trigo avaliados nos Ensaio Preliminares em Rede (EPR) e nos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) no ano de 2021, e nos de Blocos de Cruzamentos (BC) e nos de VCU no ano de 2023.

Rmg8 e *Rmg7* são dois genes de trigo identificados como conferindo resistência a isolados de *Magnaporthe oryzae Triticum* (MoT). Ambos reconhecem o gene de avirulência do patógeno *AVR-Rmg8*. Estes genes são homólogo e alelo, respectivamente, do gene *Pm4*, que confere resistência ao oídio (Asuke et al., 2024; O'Hara et al., 2024). Outros genes de resistência ao oídio, como *PmTx45* (que se apresenta com alta frequência, a níveis superiores a 50%) e *Pm6* (com frequência inferior a 5% e, portanto, ainda com perspectivas de introgressão em novas linhagens de trigo a serem desenvolvidas) – Figura 1, também parecem estar relacionados a maiores níveis de resistência à brusone.

Para as ferrugens, observa-se uma grande variação na frequência de alelos favoráveis como os que se apresentam como predominantes, como é o caso dos *Lr47*, *Yr5* e *Lr23/Yr27*. Por outro lado, há vários outros que se apresentam com frequências inferiores a 5%: *Lr21*, dois alelos de *Lr16*, *Lr67/Yr46*, dois alelos de *Lr20/Sr15*, *Sr13.1*, *Yr36* e *Lr27/Sr2*. Estes últimos têm potencial de agregarem novas resistências às linhagens que vêm sendo desenvolvidas pela Embrapa Trigo.

E, finalmente, no que diz respeito à giberela, destacam-se frequências oscilando entre 45 e 70% de cinco QTLs e quatro genes maiores (*Fhb2*, *Fhb3*, *Fhb4* e *Fhb5*). Notadamente no QTL *Fhb.mrp* (no cromossomo 2D), foi identificado um gene putativo codificando para uma MRP que está relacionada tanto à resistência à giberela quanto ao acúmulo de DON. O marcador molecular a ele relacionado pode facilmente ser empregado para a eliminação do alelo suscetível (Handa et al., 2008).

Por outro lado, apesar da ampla distribuição mundial em acessos de trigo, *Fhb1* ainda apresenta baixa frequência, com valor inferior a 5%, nas linhagens de trigo avaliadas no presente estudo. Este gene poderia ser, de modo eficaz, introgridido no germoplasma brasileiro, a partir de ações de melhoramento genético especificamente voltadas para o aumento da resistência à giberela, uma vez que promove redução tanto da severidade da doença, quanto do acúmulo de DON.

Na Figura 4, é apresentada a somatória da frequência de alelos favoráveis associados a resistências a doenças (brusone e oídio, ferrugens e giberela) avaliados com marcadores moleculares, para as diferentes linhagens de trigo. Há uma grande variabilidade destas frequências, revelando tanto linhagens com *pools* gênicos interessantes, à medida que tem 50% de alelos favoráveis dentre os marcadores moleculares analisados. Estas

linhagens identificadas podem servir como fontes de resistências a serem empregadas em blocos de cruzamentos.

A Figura 5, ilustra um panorama geral do comportamento dos diferentes genótipos de trigo caracterizados quanto à presença de alelos favoráveis de resistência a doenças (cor verde). Ao analisar a figura no sentido horizontal tem-se a indicação por linhagem de trigo. Muitas delas têm um acúmulo destes alelos, enquanto que outras ainda necessitam de um trabalho maior de introgressão de alelos de interesse, considerando a região-alvo para a qual cada linhagem é desenvolvida.

Conclusões

1. A translocação 2NS/AS, previamente associada à resistência à brusone, ainda tem presença restrita (entre 10 e 15%) nas linhagens de trigo avaliadas;
2. Genes/alelos favoráveis de resistência a doenças com frequências de ocorrência inferiores a 5%, como é o caso do *Fhb1*, devem ser introgrididos em novas linhagens de trigo, para fins de enriquecimento da variabilidade alélica;
3. Setenta e cinco marcadores moleculares do tipo KASP estão prontamente disponíveis para a caracterização genotípica de coleções de germoplasma de trigo.

Agradecimentos

À analista Tatiane Baseggio Crespi e ao técnico Jordalan Buffet Muniz agradecemos pela execução dos experimentos de genotipagem. À Embrapa pelo financiamento dos projetos “Desenvolvimento de linhagens de trigo resistentes à giberela e à brusone via piramidação de genes assistida por marcadores moleculares e por seleção genômica (20.19.03.020.00.00)” e “Melhoramento genético de trigo para o Brasil - 2023 a 2026 (20.22.01.001.00.00)” do Sistema Embrapa de Gestão (SEG).

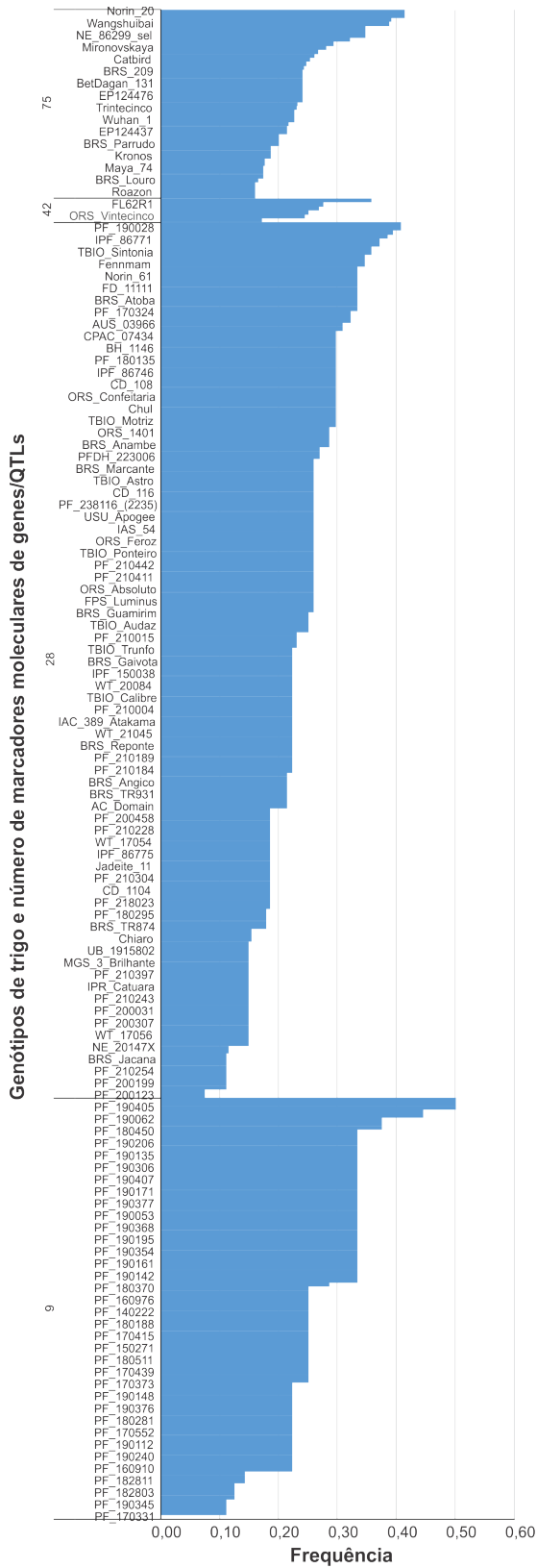


Figura 4. Frequência de alelos favoráveis de resistência a doenças associados a marcadores moleculares em genótipos de trigo avaliados nos Ensaio Preliminares em Rede (EPR) e nos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) no ano de 2021, e nos de Blocos de Cruzamentos (BC) e nos de VCU no ano de 2023.

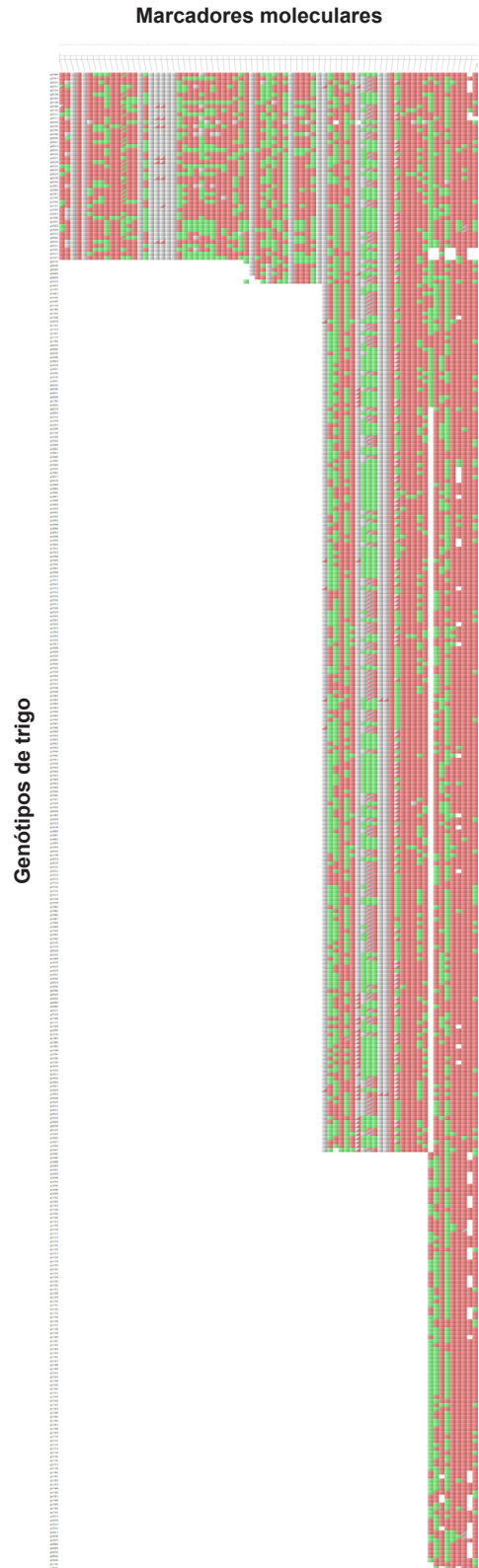


Figura 5. Distribuição visual da presença (em cor verde) ou da ausência (vermelho) de alelos favoráveis de resistência a doenças para 75 marcadores moleculares do tipo KASP, distribuídos em 376 genótipos de trigo. Em cinza, estão indicados os marcadores moleculares para os quais ainda falta a identificação do alelo favorável e, em branco, estão indicados dados não disponíveis.

Referências

- ASUKE, S.; MORITA, K.; SHIMIZU, M.; ABE, F.; TERAUCHI, R.; NAGO, C.; TAKAHASHI, Y.; SHIBATA, M.; YOSHIOKA, M.; IWAKAWA, M.; KISHI-KABOSHI, M.; SU, Z.; NASUDA, S.; HANDA, H.; FUJITA, M.; TOUGOU, M.; HATT, K.; MORI, N.; MATSUOKA, Y.; KATO, K.; TOSA, Y. Evolution of wheat blast resistance gene *Rmg8* accompanied by differentiation of variants recognizing the powdery mildew fungus. **Nature Plants**, v. 10, n. 6, p. 971-983, June 2024. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41477-024-01711-1>.
- BUERSTMAYR, M.; STEINER, B.; WAGNER, C.; SCHWARZ, P.; BRUGGER, K.; BARABASCHI, D.; VOLANTE, A.; VALÈ, G.; CATTIVELLI, L.; BUERSTMAYR, H. High-resolution mapping of the pericentromeric region on wheat chromosome arm 5AS harbouring the Fusarium head blight resistance QTL Qfhs.ifa-5A. **Plant Biotechnology Journal**, v. 16, n. 5, p. 1046-1056, May 2018. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.12850>.
- CAI, J.; WANG, S.; LI, T.; ZHANG, G.; BAI, G. Multiple minor QTLs are responsible for Fusarium head blight resistance in Chinese wheat landrace Haiyanzhong. **PLoS One**, v. 11, n. 9, e0163292, Sept. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0163292>.
- CAINONG, J. C.; BOCKUS, W. W.; FENG, Y.; CHEN, P.; QI, L.; SEHGAL, S. K.; DANILOVA, T. V.; KOO, D. H.; FRIEBE, B.; GILL, B. S. Chromosome engineering, mapping, and transferring of resistance to Fusarium head blight disease from *Elymus tsukushiensis* into wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 128, n. 6, p. 1019-1027, June 2015. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2485-1>.
- CHAO, K.; SU, W.; WU, L.; SU, B.; LI, Q.; WANG, B.; MA, D. Molecular mapping of a recessive powdery mildew resistance gene in wheat cultivar Tian Xuan 45 using bulked segregant analysis with polymorphic single nucleotide polymorphism relative ratio distribution. **Phytopathology**, v. 109, n. 5, p. 828-838, May 2019. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHTO-03-18-0092-R>.
- CRUZ, C. D.; PETERSON, G. L.; BOCKUS, W. W.; KANKANALA, P.; DUBCOVSKY, J.; JORDAN, K. W.; AKHUNOV, E.; CHUMLEY, F.; BALDELOMAR, F. D.; VALENT, B. The 2NS translocation from *Aegilops ventricosa* confers resistance to the *Triticum* pathotype of *Magnaporthe oryzae*. **Crop Science**, v. 56, n. 3, p. 990-1000, May/June 2016. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.07.0410>.
- FERREIRA, J. R.; TORRES, G. A. M.; CONSOLI, L.; CAMILOTTI, G. A.; SCAGLIUSI, S. M. M.; NHANI JUNIOR, A.; TURCHETTO, C.; DEUNER, C. C.; GODDARD, R.; NICHOLSON, P. Quantitative trait loci conferring blast resistance in hexaploid wheat at adult plant stage. **Plant Pathology**, v. 70, n. 1, p. 100-109, Jan. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1111/ppa.13278>.
- GODDARD, R.; STEED, A.; SCHEEREN, P. L.; MACIEL, J. L. N.; CAIERÃO, E.; TORRES, G. A. M.; CONSOLI, L.; SANTANA, F. M.; FERNANDES, J. M. C.; SIMMONDS, J.; UAUY, C.; COCKRAM, J.; NICHOLSON, P. Identification of Fusarium head blight resistance loci in two Brazilian wheat mapping populations. **PLoS One**, v. 16, n. 3, e0248184, Mar. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0248184>.
- HANDA, H.; NAMIKI, N.; XU, D.; BAN, T. Dissecting of the FHB resistance QTL on the short arm of wheat chromosome 2D using a comparative genomic approach: from QTL to candidate gene. **Molecular Breeding**, v. 22, n. 1, p. 71-84, Aug. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-008-9157-7>.
- HERRERA-FOESSEL, S. A.; SINGH, R. P.; HUERTA-ESPINO, J.; ROSEWARNE, G. M.; PERIYANNAN, S. K.; VICCARS, L.; CALVO-SALAZAR, V.; LAN, C.; LAGUDAH, E. S. *Lr68*: a new gene conferring slow rusting resistance to leaf rust in wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 8, p. 1475-1486, May 2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-012-1802-1>.
- HU, X.; ROCHELEAU, H.; MCCARTNEY, C.; BISELLI, C.; BAGNARESI, P.; BALCERZAK, M.; FEDAK, G.; YAN, Z.; VALÈ, G.; KHANIZADEH, S.; OUELLET, T. Identification and mapping of expressed genes associated with the 2DL QTL for Fusarium head blight resistance in the wheat line Wuhan 1. **BMC Genetics**, v. 20, n. 1, art. 47, May 2019. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12863-019-0748-6>.
- HUANG, X.; WANG, L.; XU, M.; RÖDER, M. Microsatellite mapping of the powdery mildew resistance gene *Pm5e* in common wheat (*Triticum aestivum* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 106, n. 5, p. 858-865, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-002-1146-3>.
- INOUE, Y.; VY, T. T. P.; YOSHIDA, K.; ASANO, H.; MITSUOKA, C.; ASUKE, S.; ANH, V. L.; CUMAGUN, C. J. R.; CHUMA, I.; TERAUCHI, R.; KATO, K.; MITCHELL, T.; VALENT, B.; FARMAN, M.; TOSA, Y. Evolution of the wheat blast fungus through functional losses in a host specificity determinant. **Science**, v. 357, n. 6346, p. 80-83, July 2017. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.aam9654>.
- KHALID, M.; AFZAL, F.; GUL, A.; AMIR, R.; SUBHANI, A.; AHMED, Z.; MAHMOOD, Z.; XIA, X.; RASHEED, A.; HE, Z. Molecular characterization of 87 functional genes in wheat diversity panel and their association with phenotypes under well-watered and water-limited conditions. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, art. 717, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00717>.

- KOROBKOVA, V. A.; BESPALOVA, L. A.; YANOVSKY, A. S.; CHERNOOK, A. G.; KROUPIN, P. Y.; ARKHIPOV, A. V.; YURKINA, A. I.; NAZAROVA, L. A.; MUDROVA, A. A.; VOROPAEVA, A. D.; PUZYRNAYA, O. Y. Permanent spreading of 1RS.1AL and 1RS.1BL translocations in modern wheat breeding. **Plants**, v. 12, n. 6, art. 1205, Mar. 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants12061205>.
- KRATTINGER, S. G.; LAGUDAH, E. S.; SPIELMEYER, W.; SINGH, R. P.; HUERTA-ESPINO, J.; MCFADDEN, H.; BOSSOLINI, E.; SELTER, L. L.; KELLER, B. A putative ABC transporter confers durable resistance to multiple fungal pathogens in wheat. **Science**, v. 323, n. 5919, p. 1360-1363, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1166453>.
- LI, H.; HUA, L.; ZHAO, S.; HAO, M.; SONG, R.; PANG, S.; LIU, Y.; CHEN, H.; ZHANG, W.; SHEN, T.; GOU, J. Y.; MAO, H.; WANG, G.; HAO, X.; LI, J.; SONG, B.; LAN, C.; LI, Z.; DENG, X. W.; DUBCOVSKY, J.; WANG, X.; CHEN, S. Cloning of the wheat leaf rust resistance gene *Lr47* introgressed from *Aegilops speltoides*. **Nature Communications**, v. 14, art. 6072, Sept. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-023-41833-2>.
- LI, T.; ZHANG, H.; HUANG, Y.; SU, Z.; DENG, Y.; LIU, H.; MAI, C.; YU, G.; LI, H.; YU, L.; ZHU, T.; YANG, L.; LI, H.; ZHOU, Y. Effects of the *Fhb1* gene on Fusarium head blight resistance and agronomic traits of winter wheat. **The Crop Journal**, v. 7, n. 6, p. 799-808, Dec. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2019.03.005>.
- MAGO, R.; BROWN-GUEDIRA, G.; DREISIGACKER, S.; BREEN, J.; JIN, Y.; SINGH, R.; APPELS, R.; LAGUDAH, E. S.; ELLIS, J.; SPIELMEYER, W. An accurate DNA marker assay for stem rust resistance gene *Sr2* in wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 122, n. 4, p. 735-744, Mar. 2011. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1482-7>.
- MU, J.; LIU, L.; LIU, Y.; WANG, M.; SEE, D. R.; HAN, D.; CHEN, X. Genome-wide association study and gene specific markers identified 51 genes or QTL for resistance to stripe rust in US winter wheat cultivars and breeding lines. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, art. 998, July 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00998>.
- O'HARA, T.; STEED, A.; GODDARD, R.; GAURAV, K.; ARORA, S.; QUIROZ-CHÁVEZ, J.; RAMÍREZ-GONZÁLEZ, R.; BADGAMI, R.; GILBERT, D.; SÁNCHEZ-MARTÍN, J.; WINGEN, L.; FENG, C.; JIANG, M.; CHENG, S.; DREISIGACKER, S.; KELLER, B.; WULFF, B. B. H.; UAUY, C.; NICHOLSON, P. The wheat powdery mildew resistance gene *Pm4* also confers resistance to wheat blast. **Nature Plants**, v. 10, n. 6, p. 984-993, June 2024. DOI: <https://doi.org/10.1101/2023.09.26.559489>.
- PEQUENO, D. N.; FERREIRA, T. B.; FERNANDES, J. M.; SINGH, P. K.; PAVAN, W.; SONDER, K.; ROBERTSON, R.; KRUPNIK, T. J.; ERENSTEIN, O.; ASSENG, S. Production vulnerability to wheat blast disease under climate change. **Nature Climate Change**, v. 14, n. 2, p. 178-183, Feb. 2024. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41558-023-01902-2>.
- SAVARY, S.; WILLOCQUET, L.; PETHYBRIDGE, S. J.; ESKER, P.; MCROBERTS, N.; NELSON, A. The global burden of pathogens and pests on major food crops. **Nature Ecology & Evolution**, v. 3, n. 3, p. 430-439, Mar. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0793-y>.
- SHEWRY, P. R.; HEY, S. J. The contribution of wheat to human diet and health. **Food and Energy Security**, v. 4, n. 3, p. 178-202, Oct. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1002/fes3.64>.
- SINGH, R. P.; BURNETT, P. A.; ALBARRAN, M.; RAJARAM, S. *Bdv1*: a gene for tolerance to barley yellow dwarf virus in bread wheats. **Crop Science**, v. 33, n. 2, p. 231-234, 1993.
- SINGH, R. P.; HODSON, D. P.; SINGH, P. K.; LAN, C.; HE, X.; LAGUDAH, E. S.; JULIANA, P.; AYLIFFE, M.; BHAVANI, S.; SAUNDERS, D. G. O.; HUERTA-ESPINO, J. Challenges to wheat disease resistance and current global strategies. **Annual Review of Phytopathology**, v. 63, p. 201-224, Sept. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-121923-082727>.
- SUN, C.; DONG, Z.; ZHAO, L.; REN, Y.; ZHANG, N.; CHEN, F. The Wheat 660K SNP array demonstrates great potential for marker-assisted selection in polyploid wheat. **Plant Biotechnology Journal**, v. 18, n. 6, p. 1354-1360, July 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.13361>.
- SUN, H.; HU, J.; SONG, W.; QIU, D.; CUI, L.; WU, P.; ZHANG, H.; LIU, H.; YANG, L.; QU, Y.; LI, Y.; LI, T.; CHENG, W.; ZHOU, Y.; LIU, Z.; LI, J.; LI, H. *Pm61*: a recessive gene for resistance to powdery mildew in wheat landrace *Xuxusanyuehuang* identified by comparative genomics analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 131, n. 10, p. 2085-2097, Oct. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3135-1>.
- TOTH, J.; PANDURANGAN, S.; BURT, A.; FETCH, J. M.; KUMAR, S. Marker-assisted breeding of hexaploid spring wheat in the Canadian prairies. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 99, n. 2, p. 111-127, Apr. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1139/cjps-2018-0183>.
- WHEAT INITIATIVE. **The Wheat initiative**. Disponível em: <https://www.wheatinitiative.org/wheat-initiative>. Acesso em: 10 mar. 2026.
- XIE, J.; GUO, G.; WANG, Y.; HU, T.; WANG, L.; LI, J.; QIU, D.; LI, Y.; WU, Q.; LU, P.; CHEN, Y.; DONG, L.; LI, M.; ZHANG, H.; ZHANG, P.; ZHU, K.; LI, B.; DEAL, K. R.; HUO, N.; ZHANG, Y.; LUO, M. -C.; LIU, S.; GU, Y. Q.; LI, H.; LIU, Z. A rare single nucleotide variant in *Pm5e*

confers powdery mildew resistance in common wheat. **New Phytologist**, v. 228, n. 3, p. 1011-1026, Nov. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.16762>.

XUE, S.; LI, G.; JIA, H.; XU, F.; LIN, F.; TANG, M.; WANG, Y.; AN, X.; XU, H.; ZHANG, L.; KONG, Z.; MA, Z. Fine mapping *Fhb4*, a major QTL conditioning resistance to Fusarium infection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, n. 1, p. 147-156, June 2010. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1298-5>.

ZHANG, P. -P.; GEBREWAHID, T. W.; ZHOU, Y.; LI, Q. -L.; LI, Z. -F.; LIU, D. -Q. Seedling and adult plant resistance to leaf rust in 46 Chinese bread wheat landraces and 39 wheat lines with known *Lr* genes. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 18, n. 5, p. 1014-1023, May 2019. DOI: [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(19\)62575-X](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(19)62575-X).