

INCIDÊNCIA DE BRUSONE (*Magnaportheoryzae*) NA CULTURA DO ARROZ

Marta Cristina Corsi de Filippi¹; Leilane Silveira D'Ávila²; Fábio José Gonçalves³;
Emerson Del Ponte⁴; Leila Garcês Araújo⁵; Gisele Barata da Silva⁶;
Edemilson Cardoso⁵; Valácia Lemes Silva-Lobo¹

1. Introdução

A brusone (*Magnaportheoryzae*) afeta a planta de arroz desde o estágio de plântula até a maturação de grãos, e ocorre em todos os estados do Brasil aonde o cereal é plantado, do Norte, sob condições tropicais e alta pressão da doença, ao Sul, sob condições subtropicais e pouca pressão de doença. Entretanto, a incidência, isto é, o número de plantas com sintomas típicos em uma população é variável, dependendo do sistema de cultivo, das práticas agrônômicas e das condições climáticas.

A temperatura ideal para o rápido desenvolvimento da brusone varia entre 20°C a 25°C, e o período mínimo de duração do orvalho (molhamento foliar) de seis a oito horas. A temperatura da superfície do globo aumentou em 0,5°C no século XX e, de acordo com as estimativas, projeta-se um aumento de 1,5°C a 4,5°C para este século. No século passado, as temperaturas médias noturnas elevaram-se mais que as temperaturas máximas diárias e, no Rio Grande do Sul, estado que detém a maior área plantada com arroz irrigado, o aumento de temperaturas máximas e mínimas proporcionará as condições climáticas necessárias para que a brusone torne-se mais destrutiva, elegendo-se como o principal fator limitante de produção (PRABHU et al., 2008).

O uso de fungicidas tem ocupado um lugar importante para controle de doenças, porém, seu uso contínuo e indiscriminado geram vários inconvenientes, tais como: aumento do custo de produção, o desenvolvimento de resistência por certos microorganismos, a presença de resíduos em alimentos e, conseqüentemente, os riscos que trazem para a saúde humana e para o ambiente. O mercado de fungicidas mundial saltou de 6 bilhões, em 2000, para 12 bilhões de dólares americanos, em 2012, sendo que 8,4% foram aplicados em lavouras de arroz e 10% na soja (MCDUGALL, 2013). Em estudos desenvolvidos pela Embrapa Arroz e Feijão como colaboração do laboratório do MAPA/LANAGRO/GO, identificou-se que de 56 amostras de grãos de arroz coletadas, durante a safra de 2008/09 em lavouras comerciais, 64% apresentaram resíduos de fungicidas, entre eles o mais frequente foi triclicazole, o princípio ativo mais utilizado para o controle da brusone (Relatório enviado ao CNPq, edital 64). Estima-se que fungicidas e inseticidas sejam aplicados em mais de 65% e 75%, respectivamente, da área de arroz do Rio Grande do Sul, enquanto herbicidas são usados em mais de 95% da área.

Para o desenvolvimento de tecnologias sustentáveis para o controle da brusone, compreender o nível de variabilidade e a estrutura da população de *M. oryzae* é fundamental, como também identificar as medidas que regulam a população do patógeno aos níveis toleráveis, visando aumentar a durabilidade da resistência das cultivares comerciais sem causar danos econômicos.

No presente trabalho será demonstrada a variabilidade das populações de *Magnaportheoryzae* (= *Pyriculariaoryzae*), presentes em arroz, no Brasil e especificamente

¹Embrapa Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, CEP 75375-000, Santo Antônio de Goiás, GO, fax: (0xx62) 533-2100, e-mail: crisrina.filippi@embrapa.br.

² Mestranda, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), CEP

³ Pós-doutorado, Embrapa Arroz e Feijão CEP 75375-000

⁴ Universidade Federal de Viçosa (UFV), CEP 36571-000,

⁵ Universidade Federal de Goiás

⁶ Universidade Federal Rural da Amazônia

no Rio Grande do Sul e Santa Catarina, e suas implicações na adoção de estratégias para melhoramento visando resistência para o manejo integrado, e métodos alternativos de controle da brusone.

2. Variabilidade de fungos patogênicos

Os fungos, inclusive o organismo causador da brusone do arroz, *M. oryzae*, organizam-se na natureza em populações, as quais são compostas por indivíduos que podem ser classificados ou categorizados em patótipos, ou raças. Os parâmetros básicos, em relação à população do patógeno, consistem na frequência de virulência, na associação de virulência com os genes de resistência e na distribuição dos genes de virulência. O grau de precisão na descrição do potencial patogênico da população do patógeno depende da amostragem, do método e dos genótipos utilizados no teste.

Os conhecimentos quanto à estrutura da população dos patógenos de parte aérea, disseminados pelo vento, fornecem subsídios para desenvolver estratégias adequadas de controle genético (MCDONALD, 1997).

2.1. Diversidade fenotípica de populações de *M. oryzae*

A variabilidade do patógeno é um assunto de muita controvérsia, sendo relatado o aparecimento de novas raças, provenientes de isolados monospóricos estabelecidos de uma lesão foliar (OU, 1985; VALENT; CHUMLEY, 1991). Atkins et al. (1967) selecionaram oito cultivares diferenciadoras internacionais e Ling & Ou (1969) propuseram uma chave de classificação dos patótipos de *M. oryzae*, de acordo com as reações dessas cultivares aos isolados monospóricos estudados. Essa chave é composta de 256 patótipos de *M. oryzae* distribuídos em nove grupos distintos: IA, IB, IC, ID, IE, IF, IG, IH, II.

Assim, a ocorrência de um grande número de raças de *M. oryzae* foram registradas em vários países produtores de arroz, como na Colômbia, em que, em uma coleção de 151 isolados provenientes de 15 cultivares de arroz, foram identificadas 39 raças e, em nove municípios do estado de Arkansas nos EUA, uma análise de 470 isolados coletados de oito cultivares, provenientes de 18 lavouras, mostrou a predominância das raças IB-49 e IC-17 (OU, 1985; LEVY et al. 1993; XIA et al., 2000).

Raças que representam todos os grupos, de IA até II foram registradas, em diferentes estados brasileiros, tanto de cultivares de terras altas como de irrigado (AMARAL et al., 1979; RIBEIRO ; TERRES, 1987; URASHIMA ; ISOGAWA, 1990; MALAVOLTA, 1992; FILIPPI ; PRABHU, 2001; PRABHU; FILIPPI, 2001; PRABHU et al., 2002a).

A diversidade fenotípica, em populações de *M. oryzae*, de amostras coletadas em quatro lavouras da cultivar Metica-1, mostraram que 80% dos isolados pertenciam ao patótipo ID-14, indicando alta especificidade entre patótipo e cultivar de origem. A mesma especificidade foi observada quando detectou-se a predominância (47 isolados) do patótipo IB-45 entre 53 isolados coletados nas cultivares Epagri 108 e Epagri 109, em nove diferentes lavouras, no estado do Tocantins. A epidemia da brusone nessas duas cultivares, um ano após o lançamento, pode ser atribuída ao surgimento do novo patótipo IB-45, ou à sua preexistência em baixa frequência e rápido aumento no campo, devido à elevada pressão de seleção direcional (FILIPPI et al., 2002; PRABHU et al., 2002b).

Gonçalves (2013) determinou as frequências de patótipos entre os 523 isolados, coletados em regiões produtoras de arroz no Brasil. Os patótipos mais frequentes foram, para os Estado de Goiás, IF 1 (18%); Mato Grosso do Sul, IA 45 (32%); Mato Grosso IF 1 (33%); Santa Catarina, IA 45 (20%); Rio Grande do Sul, IA 1 (33%); Tocantins, IA 1 (14%); Pará, IE 1 (45%); Rondônia, IF 1 (52%); Minas Gerais, IC 1 e IG 1 (18%). Ainda concluiu que o patótipo mais frequente no Brasil foi o IA 45 (Tabela 1e 2).

D'Ávila (2014) caracterizou a diversidade patogênica de 224 isolados, obtidos de folhas e panículas sintomáticas, coletadas em 17 municípios dos Estados do Rio Grande do Sul (147 isolados) e de Santa Catarina (77 isolados) na safra 2012/13, ano em que observou-se epidemias generalizadas evidenciando o aumento da incidência da brusone no Sul do Brasil, especialmente no RS. No total, foram identificados 75 patótipos pela série internacional. Os patótipos mais prevalentes foram IH-1 (23 isolados) e IB-46 (21 isolados) no

RS e SC, respectivamente. As informações geradas podem ser úteis para os programas de melhoramento na busca de fontes de resistência considerando as populações distintas nas regiões produtoras do sul do Brasil (Tabela 3 e 4).

Tabela 1. Frequência de grupos de patótipos no Brasil.

Estado	Patótipos Internacionais	Estado	Patótipos Internacionais
MS (IR)	IA (IA 45)	RO (TA)	IF 1
GO (TA)	IA (IA 1)	RO (TA)	IF 1
MT (TA)	IA	MG (TA)	IB (IB 1)
TO (IR)	IA (IA 1)	SC (IR)	IA (IA 45)/IB (IB 46)
PA (TA)	IB (IB 61)	RS (IR)	IA (IA 1)

Total: 542 isolados inoculados

Fonte: GONÇALVES, 2013

Tabela 2. Frequência de grupos de patótipos, por cultivar de origem, nos estados do RS e SC.

Cultivar	N.Isol	Pat. Int (%)	Cultivar	N.Isol	Pat. Int (%)
BRS Sertaneja	56	IF-1 (51)	BRSMGCaravera	18	IB-61 (72)
BRS Primavera	89	IF-1 (28)	BRSMGRelâmpago	11	IB-45 (100)
BRS Monarca	9	IF-1 (100)	SCS 112	15	IB-45(26)
Maravilha	11	IA-1(18)	SCS 109 (SC 141)	31	IB-41(51)
SCSBRSPiracema	19	IA-13 (21)	SCS108(SC-140)	11	IB-45(27)
SCS BRS 114 TIO TAKA	42	IB-45 (38)	QUALIMAX 13	23	IF-1(48)
SCS 115	19	IB-47 (16)	Irga 417	75	IA-1(23)
SCS 116	29	IB-45 (34)	BRSQuerência	21	IA-45(33)
SCS 113	13	IA-45 (26)			

Fonte: GONÇALVES, 2013

Tabela 3. Frequência de grupos de patótipos nos estados do RS e SC (D'Ávila, 2014)

Estado	Grupo de Patótipos	Patótipo internacional
RS	IH (15,64%)	IH-1
SC	IB (48,05%)	IB-46

Fonte:D'ÁVILA, 2014

Tabela 4: Número de isolados e frequência de patótipos determinados pela série diferenciadora brasileira identificados nas 14 cultivares de origem amostradas, nos estados do RS e SC para uma coleção de 224 isolados.

Cv ¹ . de origem	Estado	N ²	NI ³	Grupo (patótipo)
Guri Inta CL	RS	59	37	A (1,5,7,23,31,15,17,21,27,29,31,69,71,95,97,119,127); B (23,31,33,17,29,1,21,57,63); C(5,7,32); D(7,15); E(1,3,5,7); G(1); H(1)
PuitaInta CL	RS	61	31	A(1,5,7,17,21,43,81,83,85,87,93,94,95,127); B(1,5,45,63); C(13,15,21,23,27,29,30,31); E(1,7,8); H(1,31)
BRSQuerência	RS	23	14	A(47,95,69,127,71); B(17,23,62,63); C(31,32); D(11,); E(7)H(1)
SCS 117 CL	SC	12	8	A(54);B(46,48);D(9,13,14,15); G(1)
SCS 109	SC	17	7	B(45,46);C(32); D(13,14,16); E(4).
SCS 106	SC	6	6	A(19,21,127);B(17);C(32); H(1)
SCS BRS 114	SC	9	6	B(13,45,46,48) D(14,16)
SCS 115 CL	SC	7	6	B(45,46,57);C(6); D(6,16)
SCS 116	SC	12	5	B(45,46); D(13,16); G(1)
SCS 113	SC	7	5	B(42,46,48; D(14); I(1)
SCS 118	SC	4	4	A(13); D(13,16); E(5)
Olimar	RS	4	3	B(17); C(1,9)
SCS 108	SC	2	2	B(45,46)
SCS 112	SC	1	1	B(46)

¹Cv: cultivar; ²N: Número de isolados; ³NPI: Número de patótipos internacionais. Fonte: D'ÁVILA, 2014

2.2. Diversidade genética de populações de *M. oryzae*

A estrutura da população do patógeno refere-se à quantidade de variação genética e fenotípica entre e dentro de populações, e é dividida no tempo e no espaço, podendo ser influenciada pela cultivar de origem, pelo local, tamanho da área plantada e isolamento de campo por cultivar (SILVA et al, 2007; MCDONALD, 1997).

A estrutura e diversidade das populações de *M. oryzae* em arroz foram descritas em diversos países durante os últimos 20 anos, utilizando marcadores RFLP (ROUMEN et al., 1997), rep-PCR (GEORGE et al., 1998), RAPD (ROSS et al., 1995) ou AFLP. A maioria dos estudos de populações utilizaram marcadores RFLP gerados por MGR586, uma sequência dispersa e repetitiva relacionada a elementos transponíveis do DNA (ROUMEN et al., 1997). Os marcadores de DNA permitem avaliação da diversidade genética, dentro da região geográfica dentro e entre fazendas, de uma determinada raça. Marcadores RFLP e sequências repetitivas *Pot2* (*SR-Pot2*) foram utilizados para caracterizar a população de *M. oryzae* na Colômbia, nos Estados Unidos e nas Filipinas (LEVY et al., 1991; CORREA-VICTORIA; ZEIGLER, 1993; CHEN et al., 1995; ZEIGLER et al., 1995). De acordo com Levy et al. (1993), a análise do DNA de mais de 100 isolados (coletados em Santa Rosa, Colômbia), agrupou-os em seis linhagens distintas. A estreita relação estabelecida entre linhagem e virulência, nas populações do patógeno nos Estados Unidos (LEVY et al., 1991), não foi comprovada em estudos mais recentes, utilizando-se 243 isolados, coletados em dois locais nas Filipinas e quatro no Brasil (ZEIGLER et al., 1995; FILIPPI et al., 2002). Entretanto, esse tipo de análise serve como ferramenta para diferenciar geneticamente isolados distintos, que apresentem reações fenotípicas ambíguas nas cultivares diferenciadoras. Também o uso combinado do agrupamento baseado na frequência de virulência ou raça junto com linhagens genéticas tem maior valor aplicado no melhoramento do que usados isoladamente.

Marcadores moleculares baseados na amplificação de regiões microsatélites apresentaram-se como uma alternativa bastante eficiente para caracterizar os variantes de *M. oryzae* (BRONDANI et al. 2000; GARRIDO, 2001; ADREIT et al., 2007). Gonçalves (2013)

determinou a variabilidade genética de 494 isolados, coletados em regiões produtoras de arroz no Brasil, utilizando 18 marcadores microsatélites. Os marcadores utilizados foram capazes de agrupar os isolados em 19 subpopulações. O autor detectou uma variabilidade de 62,87 % entre as subpopulações e 37,13% dentro das subpopulações, o valor de diferenciação genética das populações (FST) foi 0,62868 ($p < 0,001$) com probabilidades calculadas por 10.000 permutações ao acaso. Os marcadores SSR utilizados neste estudo indicaram uma tendência do agrupamento ter sido determinado por cultivar de origem do isolado, com destacada interação com o ambiente. D'Ávila (2014) caracterizou a estrutura populacional de uma população composta de 192 isolados coletadas em 17 municípios dos Estados do Rio Grande do Sul - RS (147 isolados) e Santa Catarina - SC (77 isolados) na safra 2012/13. O agrupamento com base no perfil genético dos isolados, neste caso, indicou associação com a cultivar de origem e com a origem geográfica.

2.3. Causas da variabilidade na população de *M. oryzae*

Magnaportheorizae possui um genoma constituído por 40 a 50 Megabases, distribuídos em sete cromossomos (COUCH; KOHN, 2002). A estrutura genética de uma população dentro de uma espécie é determinada pela história evolutiva desta população. Pool gênico é o conjunto de todos os genes de uma espécie ou uma população. As forças que promovem alterações no pool gênico e na estrutura genética da população são os mecanismos evolutivos de mutação, recombinação (sexual e parassexual), fluxo gênico, deriva genética e seleção. A mutação é qualquer mudança no material genético que seja herdável, causando mudanças diretas na sequência do DNA de um gene, criando novos alelos nas populações, aumentando assim a variabilidade genética. A mutação acompanhada de uma eficiente seleção direcional aumenta a frequência de mutantes virulentos, provocando a perda da efetividade do gene de resistência.

As causas da instabilidade genética em *M. oryzae* estão relacionadas com a localização do gene de avirulência no cromossomo e a ocorrência de elementos transponíveis ativos (VALENT ; CHUMLEY , 1994). Zeigler et al. (1997) observaram diversidade dentro de uma linhagem genética indicando alta taxa de mutação e recombinação parassexual do DNA.

3. Resistência genética à brusone

A resistência genética tem sido comprovadamente, o método mais econômico e efetivo no controle das principais doenças em arroz, no mundo. Porém, a complexa biologia do patógeno *Magnaportheorizae* aliada a áreas extensas de plantio e condições climáticas tropicais tornam frágil e instável a resistência das cultivares geneticamente melhoradas. Este cenário cria um desafio para adoção de manejo das doenças que integra resistência genética, tratos culturais, controle químico e biológico.

3.1. Resistência específica

A resistência vertical, também conhecida por resistência específica, qualitativa, monogênica, completa, entre outros, caracteriza-se por apresentar efetividade contra algumas raças do patógeno, mas não contra outras. Seu efeito epidemiológico consiste no atraso do início da epidemia, devido à quantidade de inóculo inicial efetivo ter sido reduzido. Todavia, a taxa de infecção de plantas que apresentam essa resistência é rápida, logo após o início da doença. Se a população do patógeno não apresentar o gene de virulência necessário para infectar a população do hospedeiro, a pressão de seleção negativa atua contra os indivíduos não patogênicos da população (PRABHU; FILLIPI, 2006).

Os benefícios econômicos obtidos no controle da brusone, através do lançamento de cultivares com moderado ou alto grau de resistência, em condições de terras altas e irrigadas são evidentes, embora seja difícil quantificar os prejuízos na produtividade e na qualidade de grãos, à nível de lavoura. Porém, o lançamento sequencial de cultivares com genes maiores e diferentes de resistência à brusone, apesar de considerada a estratégia mais viável, não apresenta a durabilidade esperada. O comportamento das cultivares melhoradas para resistência, nos últimos 10 anos, realça a necessidade da adoção de

métodos de melhoramento que incorporem a diversificação de genes de resistência, no espaço e no tempo.

3.2. Linhas quase isogênicas

O desenvolvimento de linhas quase isogênicas de arroz, com genes de resistência diversificado, constitui-se em uma medida, a curto prazo, que permita determinação do espectro de virulência da população do patógeno devido, principalmente, à presença de um único alelo de resistência conhecido em cada um desses genótipos (Inukai *et al.*, 1994). A reação de linhas isogênicas também tem tornado possível determinar quais são os alelos de resistência mais eficazes, de diferentes genes, para controlar a doença no local onde os isolados monospóricos do patógeno foram obtidos (CHEN *et al.*, 1995; FILIPPI ; PRABHU, 2001).

O desenvolvimento de linhas quase isogênicas das cultivares comerciais bem adaptadas, constitui-se em uma medida, a curto prazo, que permite o lançamento de cultivares com o mesmo potencial de produtividade e qualidade de grãos. Pode se considerar que o sistema do manejo de genes maiores na fazenda é uma estratégia realística, efetivo contra um grande número de patótipos, permitindo reduzir o uso de fungicidas.

3.3. Multilinhas

Multilinhas são constituídas pela mistura de linhagens (ou linhas puras) isogênicas, isto é, que diferem entre si por possuírem diferentes genes de resistência vertical a um determinado patógeno. A introdução da heterogeneidade de genes de resistência, sem, contudo sacrificar a produtividade e a qualidade é benéfico (FREY *et al.*, 1977). Muitos investigadores, baseados em resultados obtidos com outros cereais como cevada, trigo e aveia, consideram o desenvolvimento de multilinhas como uma estratégia alternativa para resistência à brusone, uma vez que a uniformidade genética no hospedeiro é um fator importante nas epidemias de doenças. Porém, na prática, alguma variação em fenótipo além da resistência é quase que inevitável, fato importante a ser considerado, uma vez que a indústria do arroz e o mercado moderno exigem alta qualidade e, dificilmente, toleram qualquer variação inerente, presente em multilinha de arroz.

3.4. Resistência multigênica

Apesar da experiência com outros patossistemas, como a requeima da batata e a ferrugem do trigo não terem sido efetiva, uma vez que a maior parte da diversidade genética disponível está concentrada em poucos locus, certas combinações de genes em arroz tem sido úteis e viáveis. Um exemplo é apiramidação usando marcador molecular para aumentar a durabilidade da resistência. Hittalmani *et al.* (2000) incorporaram os três genes com efeitos maiores *Pi-1*, *Pi-2* e *Pi-4*, e a combinação entre eles, em uma população de arroz, composta pelas variedades IR36, IR50, IR64, IR72, utilizando marcadores RFLPs. Os estudos mostraram que as linhas desenvolvidas foram resistentes para cinco isolados testados. As mesmas linhas isogênicas e as linhas piramidadas também foram avaliadas no viveiro de brusone, nas Filipinas e na Índia. As linhas em que as combinações incluía o gene *Pi-2* apresentaram aumento na resistência e, as linhas piramidadas com os genes *Pi-1+Pi-2* foram resistentes. Tanto as linhas que apresentavam combinação entre *Pi-2+Pi-4* ou *Pi-1+Pi-4* foram moderadamente resistentes em um dos locais, enquanto as linhas com os três genes foram resistentes nos dois locais. Em estudos realizados na Embrapa Arroz e Feijão, Pinheiro *et al.* (2012) mostraram que o marcador microssatélite RM7102 encontra-se ligado ao alelo de resistência para patótipo IB-1, na cultivar Cica-8. Esta informação é útil para piramidagem de genes de resistência maior, utilizando marcadores moleculares, em cultivares comerciais bem adaptadas.

3.5. Resistência poligênica

Resistência horizontal é efetiva contra todas as raças do patógeno. É herdada de forma quantitativa e controlada por vários genes, cada um com um efeito menor e, conseqüentemente, é chamada de poligênica, ou resistência de genes menores. O efeito epidemiológico dessa resistência é a redução no progresso da doença (PRABHU ; FILIPPI, 2006). A taxa aparente de infecção é o principal atributo da resistência horizontal (PLANK, 1963), de modo que diferentes cultivares apresentam diferentes taxas de aumento da

brusone (PRABHU ; BEDENDO, 1991). Entretanto, a taxa aparente de infecção varia não somente com a resistência horizontal, mas também com o estágio de desenvolvimento da cultivar e o local (PRABHU ; BEDENDO, 1991).

Resistência poligênica à brusone é considerada mais durável do que resistência monogênica controlada por genes maiores. A expressão da resistência parcial é também alterada por mudanças das condições ambientais e da pressão da população do patógeno. Todas as cultivares possuem certo grau de resistência parcial e a sua avaliação em condições de campo é dificultada pelos efeitos epistáticos dos genes maiores. A expressão destes genes pode ser quantificada ou medida em casa de vegetação utilizando as raças fisiológicas de *M. oryzae* virulentas que permitem eliminar o efeito dos genes maiores.

Embora certo grau de resistência parcial nas cultivares seja necessário para evitar o efeito vertifolia, esta resistência não constitui uma medida apropriada para contornar a alta variabilidade de *M. oryzae*. A seleção recorrente tem sido considerada um método eficiente de melhoramento visando a incorporação resistência poligênica às doenças (ROBINSON, 1976). Este método permite acumular genes menores que contribua com a expressão da resistência parcial, juntamente com outras características agrônomicas (PARLEVIET, 1977). Em um estudo realizado na Embrapa Arroz e Feijão, Tenório et al. (2015) validaram dois marcadores microsatélites (RM242 e RM3533) associados ao QTL q9G6, que confere resistência parcial a *M. oryzae*. A validação foi feita na população de seleção recorrente CNA6, na qual este QTL será introgridido por seleção assistida por marcadores moleculares (SAM), usando a cultivar OryzicaLlanos 5 como fonte de resistência. O uso de SAM no melhoramento permitirá acelerar a obtenção de linhagens de arroz com resistência durável a *M. oryzae*.

3.6. Mistura de cultivares

A heterogeneidade genética é considerada uma solução para a vulnerabilidade das monoculturas aos patógenos. Diversas formas de heterogeneidade controlada podem ser obtidas através de multilinhas ou mistura de cultivares. Em princípio, a cultura deve ser heterogênea para a característica de resistência, seja ela alcançada através de mistura de linhagens ou através de cultivares (WOLFE, 1985). Em estudos realizados no Brasil, mostrou que o potencial de mistura de variedades de cevada frente ao oídio, tanto para redução de doença, como para o aumento da produtividade foi alta (MARTINELLI, 1993). As misturas de sementes de arroz, em proporções iguais de cinco cultivares precoces e cinco de ciclo médio foram comparadas aos componentes individuais das misturas, em relação à severidade da brusone e a produção de grãos, com e sem controle químico. O controle da brusone nas panículas não foi significativo, devido ao grau de resistência inadequada dos componentes da mistura e ao movimento dos conídios entre as parcelas (PRABHU, 1990). Estudos recentes na China mostraram que as misturas das cultivares suscetíveis e resistentes aumentaram em 89% a produtividade e reduziram à brusone em até 94%, quando comparados aos plantios de monocultura (ZHU et al., 2000).

No Brasil, o do uso de misturas de cultivares no sistema mecanizado e empresarial atualmente é inviável, devido à exigência de alta qualidade e uniformidade do produto. Entretanto, o uso de mistura das cultivares no sistema de subsistência e na agricultura orgânica é viável para o controle da brusone, porém necessita de mais estudos.

3.7. Métodos alternativos de indução de variabilidade genética

Uma das alternativas para indução de variabilidade genética nas cultivares bem adaptadas às condições brasileiras é a utilização de cultura de tecidos. Mutantes obtidos a partir de cultura de calos, derivados de panículas imaturas de cultivares suscetíveis, podem ser regenerados sem grandes alterações para as outras características agrônomicas. Em trabalhos realizados na Embrapa Arroz e Feijão, obteve-se resultados promissores quanto à resistência à brusone, a partir de calos derivados de panículas de cultivares suscetíveis de arroz de terras altas como Araguaia e IAC 47, e irrigado como Bluebelle, Basmati-370 e Metica-1, (ARAÚJO et al., 2000; 2001; ARAÚJO; PRABHU, 2001; ARAÚJO; PRABHU,

2002a, b). Estes soma clones podem ser ainda explorados para o estudo da variação genética de outras características agrônômicas, como a resistência a outras doenças e pragas.

4. Manejo da resistência genética à brusone

A intensificação de cultivo, altamente mecanizado em áreas extensas e contínuas, o uso intenso de fertilizantes, com foco na alta produtividade, proporcionam um rápido desenvolvimento das doenças, e levam os agricultores a adotarem um programa abusivo de aplicação de agrotóxicos, desafiando a adoção adequada do manejo.

A eficiência do controle químico deve ser preservada, evitando assim o excesso de número de aplicações ou superdosagem. Durante a safra de 2014/15, foram registrados casos de resistência à triciclazole e azoxtrobim (dados não publicados), em lavouras de arroz altamente tecnificadas. A inserção do controle biológico no manejo integrado possibilitará diminuir o número de aplicação de defensivos e melhorar a eficiência do mesmo.

A natureza da resistência genética deve ser conhecida para que medidas que visem sua durabilidade sejam sugeridas e implementadas no manejo integrado. Assim, todas as práticas que favoreçam a incidência de brusone devem ser conhecidas e evitadas, preservando o potencial produtivo das cultivares.

4.1. Diversificação entre diferentes regiões de cultivo

O controle da ferrugem da aveia (*Puccinia coronata*), desenvolvido nos EUA, é um exemplo clássico de diversificação de genes, entre diferentes regiões de cultivo. E as cultivares de aveia que possuem diferentes genes de resistência à ferrugem da aveia foram recomendados para em três regiões distintas: México, América Central e Canadá (FREY et al., 1977). Porém existem limitações de adaptação deste exemplo para outros patossistemas, como a brusone em arroz, que requer para seu sucesso a colaboração de produtores, evitando fluxo de cultivares entre regiões distintas, das organizações financiadoras, governamentais e comerciais, regulamentando, fiscalizando e distribuindo conforme recomendações técnicas.

4.2. Diversificação entre fazendas

Pode se considerar que o sistema do manejo de genes maiores contra um número maior de patótipos, tanto entre como na fazenda é uma estratégia realística e promissora, permitindo diminuir o impacto da população do patógeno além de reduzir o uso de fungicidas. Entretanto, na prática é difícil para os produtores desenvolverem seu próprio esquema. Os fitopatologistas devem desenvolver estes esquemas com antecedência utilizando as cultivares comerciais mais plantadas, em determinado tempo e local, monitorando os resultados das inoculações de patótipos prevalentes na região em cultivares comerciais. Entretanto, uma ou duas cultivares predominam, mesmo que sejam suscetíveis e, geralmente ocupam grande área plantada devido a outras características agrônômicas preferidas pelos produtores.

4.3. Diversificação das cultivares dentro da fazenda

Epidemias ocorrem em monocultura, isto é, com uma única cultivar plantada em larga escala e por muitos anos sucessivos. O inóculo gerado por uma cultivar com resistência específica é geralmente não virulento em outras cultivares que possuam resistência específica a outro patótipo. A disseminação do fungo é reduzida quando o campo é plantado com diferentes cultivares, com diferentes genes de resistência específica. Para explorar este efeito, os esquemas de diversificação podem ser desenvolvidos para orientar os produtores quanto à escolha de cultivares, visando minimizar o efeito de migração do patógeno e do risco da epidemia, em toda a área plantada. Uma proposta simplificada para a brusone foi desenvolvida com testes, na Embrapa Arroz e Feijão, realizados com 193 isolados de *M. oryzae*, coletadas nas cultivares de arroz irrigado no estado do Tocantins, ao longo dos anos. Detectou-se que as cultivares comerciais podem ser agrupadas com base nas reações fenotípicas. Os coeficientes de similaridades entre 16 cultivares, em relação a reação fenotípicas variaram entre 0 a 0,9 (Tabela 5). Por exemplo, os coeficientes de similaridades entre as cultivares da região Sul, introduzidas no estado do Tocantins, como BR-IRGA 409, Chui, Supremo e Taim foram altas (0,89 a 0,90). A similaridade entre as cultivares Jaburu e Biguá e outras cultivares plantadas no estado foi baixa (0 a 0,1) e poderão ser utilizadas no

esquema de diversificação, dentro da mesma fazenda. Os produtores podem escolher aquelas cultivares indicadas nas colunas verticais (Tabela 6) para plantio, lado a lado, na mesma fazenda. Este quadro é válido enquanto a resistência no campo é efetiva, portanto os esquemas devem ser revisados a cada dois anos, com base na coleta e testes de isolados de *M. oryzae*, provenientes destas cultivares no campo. Atualmente, está sendo realizado o mesmo teste com isolados coletados tanto no Rio Grande do Sul quanto no Tocantins.

Tabela5. Coeficientes de similaridade de Jaccard entre 16 cultivares com reações compatíveis e não compatíveis, nas inoculações com 193 isolados.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1- BRS 6Chuí	1															
2- QUALIMAX 1	0,89	1														
3- BRSTaim	0,23	0,21	1													
4- BRSAtalanta	0,85	0,85	0,02	1												
5- BRS Formoso	0,11	0,1	0,09	0,11	1											
6- Metica-1	0,3	0,27	0,2	0,27	0,35	1										
7- Javaé	0,01	0,01	0,07	0,01	0,02	0,09	1									
8- Epagri-108	0,16	0,15	0,1	0,16	0,65	0,37	0	1								
9- Epagri-109	0,12	0,11	0,09	0,12	0,74	0,36	0	0,72	1							
10- Cica-8	0,2	0,2	0,77	0,18	0,08	0,2	0,07	0,07	0,1	1						
11- BRSSbiguá	0,03	0,02	0,14	0,1	0	0,03	0,27	0,02	0	0,09	1					
12- BRSJaburu	0,01	0,01	0,01	0,01	0	0,1	0	0,02	0	0	0,11	1				
13- Marajó	0,23	0,22	0,71	0,2	0,08	0,22	0,07	0,06	0,09	0,84	0,1	0,01	1			
14- Jequitibá	0,01	0,12	0,05	0,01	0	0	0,11	0,02	0	0,01	0,33	0,2	0,01	1		
15- BR IRGA-409	0,9	0,89	0,19	0,87	0,1	0,27	0,01	0,15	0,11	0,2	0,2	0,01	0,22	0,1	1	
16-IRGA-417	0,73	0,71	0,15	0,75	0,11	0,25	0,01	0,18	0,13	0,15	0,02	0,01	0,19	0	0,79	1

Coeficiente de Jaccard foi calculado com a seguinte fórmula: $a/a+b+c$, onde a = isolados virulentos para duas cultivares, b e c = isolados virulentos para uma cultivar e avirulento para outra e vice-versa. Fonte: PRABHU;FILIPPI, 2006.

Tabela 6. Matriz para seleção de diferentes grupos de diversificação para plantio de cultivares de arroz irrigado na mesma fazenda, no Estado de Tocantins.

Grupos	A	B	C	D
A	Metica	Javaé	Chuí	Epagri 109
B	Biguá	Jaburu	Epagri 108	Taim
C	Rio Formoso	Biguá	BR IRGA 409	Javaé
D	Supremo	BR IRGA 417	Jaburu	Supremo

Fonte: PRABHU;FILIPPI, 2006

5. Métodos alternativos de controle de doenças do arroz

A produção agrícola, dentro de um panorama da conservação ambiental e segurança alimentar tornou-se um grande desafio deste século. Nesse contexto, a biodiversidade microbiana que permite a seleção dos agentes biológicos, promotores do crescimento e da proteção das plantas de arroz, tem sido objeto de estudos exploratórios nas últimas duas décadas. Os agentes biológicos favoráveis, como fungos e bactérias são denominados bioestimulantes ou biofertilizantes (VESSEY, 2003), os quais são definidos como fertilizantes compostos de microrganismos vivos e, que quando aplicados nas sementes, ou na superfície das plantas ou no solo, colonizam a rizosfera, ou o interior das

plantas e promovem o crescimento vegetal, aumentando ou disponibilizando nutrientes primários ao metabolismo da planta hospedeira.

Controle biológico das doenças de plantas refere-se à utilização de um organismo introduzido ou habitante natural, antagonístico e/ou capaz de suprimir as atividades e a população de um fitopatógeno. Entre os mecanismos de controle biológico, destaca-se o antagonismo direto, indireto e uma miscelânea entre estes e outros tipos de antagonismo. Entre os mecanismos de antagonismo indireto, citamos a competição e a indução de resistência no hospedeiro. Como exemplo destes agentes biológicos podemos citar as rizobactérias promotoras de crescimento (PGPR) e os fungos de controle biológico (BCFs) como *Trichoderma asperellum*, *Epicoccum niger*, *Cladosporium cladosporioides*, *Sarocladium myzae* o extrato do fungo micorrízicos, *Rhizoctonia* sp. Todos estes agentes podem mediar sinalizações químicas elicitando vias metabólicas da planta, que implicam no acúmulo de biomassa, na supressão de doenças e no aumento da produtividade no campo. *E. niger*, *C. cladosporioides*, *S. oryzae* o extrato do fungo micorrízicos, *Rhizoctonia* sp. suprimiram a brusone foliar em 97,56%, 75%, 84% e 25%, respectivamente (SENA et al., 2013; GUIMARÃES, 2014; CHAIBUB, 2014; CARVALHO et al., 2015).

Trichoderma sp. é um bioagente que age por diferentes mecanismos de ação, tais como antibiose, parasitismo e indução de resistência (SHORESH et al., 2005; VINALET et al., 2008). Em ensaios conduzidos em casa de vegetação, com plantas de arroz, detectou-se que os isolados de *T. asperellum* quando aplicados ao solo incrementou a massa seca, da parte aérea e radicular em 61,2% e 32,9%, respectivamente, além de suprimirem a severidade da queima da bainha em 45% (SILVA et al., 2012). Com o objetivo de desenvolver estratégias de uso do *T. asperellum* no controle da queima das bainhas (QB) do arroz cultivado em condições de várzea tropical, os mesmos quatro isolados de *T. asperellum*, de forma individual e em mistura, e um fungicida foram avaliados em condições de campo. Os isolados de *T. asperellum* reduziram a AACPD em relação ao controle em 33,7% e em 16,6% a taxa de progresso da doença, e não diferiram do tratamento com fungicida pencycuron (Figura 1). (FRANÇA et al., 2014).

Em ensaios conduzidos em casa de vegetação, isolados de *Pseudomonas fluorescens* e *Burkholderia pyrocinia*, promoveram até 65% no acúmulo de biomassa e 90% na redução da severidade da brusone nas folhas. A eficiência de cada um dos isolados foi dependente do modo de aplicação, e detectou-se o aumento da atividade enzimática de peroxidase, β , 1-3, glucanase e de quitinase (FILIPPI et al., 2011).

A adubação com silício (Si), o segundo elemento mais abundante na litosfera (27,7%) (FAUTEUX et al., 2005), tem demonstrado eficiência no controle ou redução da incidência de várias doenças em diversas culturas, como algodão (OLIVEIRA, 2010), café (PEREIRA et al., 2009), soja (CRUZ et al., 2013), e principalmente na cultura do arroz (DATNOFF et al. 2012; PRABHU et al. 2001; KORNDÖRFER et al., 1999; RODRIGUES et al., 2005). Estudo realizado em casa de vegetação mostrou que a interação sinérgica entre a adubação silicatada, em combinação com os biopromotores (*Burkholderia pyrocinia*; *Pseudomonas fluorescens*; *Trichoderma asperellum*); mistura dos três bioagentes) aumentou a biomassa de plantas de arroz em até 68% na parte aérea, 37,04% na parte radicular e 58,38% no total e suprimiu a brusone em 96% (SOUZA et al., 2015; SOUZA, 2014).

Uma outra alternativa de controle de patógenos é a utilização de extratos de espécies vegetais, o que deve-se principalmente aos seus metabólitos secundários, como exemplo podemos citar os extratos de *Rutagraveolens* e *Rosmarinus officinalis* que reduziram a severidade de brusone foliar em 80,84% e 90%, respectivamente (REIS, 2013; RODRÍGUEZ, 2015).

Tabela 6. Efeito dos bioagentes em combinação com a adubação silicatada na severidade da brusone foliar¹.

Bioagentes	Brusone foliar (%)		AACPD	
	0 ²	2	0	2
Control	14.24 b ³	11.92 b	38.98 b	33.80b
<i>T. asperellum</i>	7.71a	5.71 a	20.05 a	12.81a
Mixture	8.17a	3.96 a	17.33 a	13.18a

¹Os dados são de plantas inoculadas com o patógeno *M. oryzae*; ²adubação silicatada; 0 = controle; 2 = 2 ton SiCaMg.ha⁻¹; médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste de Duncan (P≤0.05).
Fonte: SOUZA ET AL., 2015

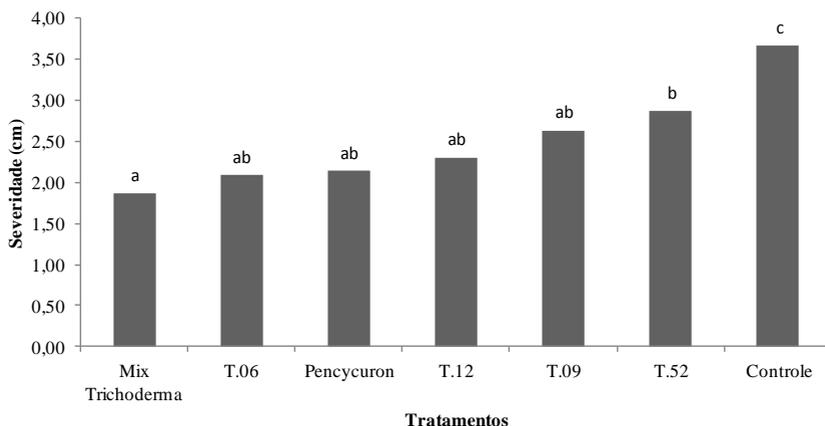


Figura 1: Severidade da queima das bainhas (*Rhizoctoniasolani*) em plantas de arroz (64 DAS) com uma pulverização (preventiva) de quatro isolados de *Trichodermaspp.* (T.06, T.09, T.12 e T.52) individual, mistura de isolados (Mix), Fungicida Pencycuron e Controle (água). Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Duncan (P < 0,05).
Fonte: FRANÇA et al., 2014.

4. Considerações finais

O conhecimento sobre a dinâmica da população do patógeno, no espaço e no tempo, e a interação com o hospedeiro são fundamentais para o melhoramento genético visando a durabilidade da resistência. O mecanismo de variabilidade do patógeno determina a capacidade de produzir novas raças e é diferente para cada patógeno. A resistência específica, controlada por genes maiores tem grande valor, dependendo das estratégias de manejo de genes adotadas. A diversificação e o manejo de genes maiores diminuirão os danos potenciais causados pela brusone, mesmo com alta variabilidade do patógeno. Para aumentar a durabilidade da resistência das cultivares, estratégias e métodos alternativos mais adequados devem ser adotados para os diferentes patossistemas, levando em consideração as condições específicas de cada ecossistema. Nenhuma estratégia adotada isoladamente poderá ter sucesso, mas o método de controle genético, utilizando genes de resistência diversificados, provenientes de diferentes fontes são os passos mais seguros contra a

diversidade do patógeno. A combinação de resistência qualitativa e quantitativa atrasa e reduz a velocidade de coevolução do patógeno.

As investigações sobre controle alternativo de doenças de plantas são iminentes, considerando as demandas por tecnologias sustentáveis, como a redução de danos ambientais, como por exemplo, a qualidade da água, e produção de alimentos livre de resíduos químicos. Para um manejo de doenças bem sucedido é importante que seja inserida estratégias alternativas, como a bioestimulação ou insumos agrícolas (principalmente aos derivados do petróleo) de baixa toxicidade e de maior eficiência, efetiva e econômica para aceitação e adoção pelos agricultores. A inserção do controle biológico e do controle alternativo no manejo, juntamente com a resistência genética, os tratos culturais recomendados e o controle químico mostra-se promissor para a produção sustentável do arroz.

5. Referências Bibliográficas

- ADREIT, H. D. et al. Microsatellite markers for population studies of the rice blast fungus, *Magnaporthe grisea*. **Molecular Ecology Notes, Oxford**, v. 7, n. 4, p. 667-670, July 2007 .
- AMARAL, R. E. M. et al. Raças fisiológicas de *Pyricularia oryzae* Cav. no Estado de São Paulo. **O Biológico**, São Paulo, v. 45, n. 11/12, p. 205-208, nov./dez. 1979.
- ARAÚJO, L. G.; PRABHU, A. S. Progresso da brusone nas folhas e características agrônômicas nas gerações avançadas de somaclones aromáticos da cultivar de arroz IAC 47. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 26, n. 3, p. 606-613, set. 2001.
- ARAÚJO, L. G.; PRABHU, A. S. Somaclones da cultivar de arroz aromático Basmati-370 resistentes à brusone. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 8, p. 1127-1135, ago. 2002a.
- ARAÚJO, L. G.; PRABHU, A. S. Indução de variabilidade na cultivar de arroz Metica-1 para resistência a *Pyricularia grisea*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 12, p. 1689-1695, dez. 2002b.
- ARAÚJO, L. G.; PRABHU, A. S.; FREIRE, A. B. Development of blast resistant somaclones of the upland rice cultivar Araguaia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.35, n.2, p.357-367, fev. 2000.
- ARAÚJO, L. G. et al. Variantes somaclonais da cultivar de arroz Bluebelle resistentes à brusone. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 36, n. 5, p. 801-808, maio 2001.
- ATKINS, J.G. et al. An international set of rice varieties for differentiating races of *Pyricularia oryzae*. **Phytopathology**, St. Paul, v. 57, n. 3, p. 297-301, Mar. 1967.
- BRONDANI, C. et al. Development of microsatellite markers for the genetic analysis of *Magnaporthe grisea*. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 4, p. 753-762, Dec. 2000.
- CARVALHO, J. C. B. et al. Inhibition of the rice blast fungus, *Magnaporthe oryzae* by orchid mycorrhizal fungi and their extracts, with particular reference to *Rhizoctonia* sp. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, DF, 2015 (No prelo).
- CHAIBUB, A. A. **Supressão de brusone nas folhas de arroz com *Cladosporium cladosporioides***. 2014. 79 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.
- CHEN, D. H et al. Population structure of *Pyricularia grisea* at two screening sites in the Philippines. **Phytopathology**, St. Paul, v. 85, n. 9, p. 1011-1020, Sept. 1995.
- CORREA-VICTORIA, F. J.; ZEIGLER, R. S. Pathogenic variability in *Pyricularia grisea* at a rice blast “hot-spot” breeding site in Eastern Colombia. **Plant Disease**, St. Paul, v. 77, n. 10, p. 1029-1035, Oct. 1993.
- COUCH, B. C.; KOHN, L. M. A multilocus gene genealogy concordant with host preference indicates segregation of a new species, *Magnaporthe oryzae*, from *M. grisea*. **Mycologia**, New York, v. 94, n. 4, p. 683-693, July-Aug. 2002.
- CRUZ, M. F. A. et al. Inducers of resistance and silicon on the activity of defense enzymes in the soybean-*Phakopsora pachyrhizi* interaction. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 2, p. 162-172, abr./jun. 2013.

DATNOFF, L. E. Differential gene expression of rice in response to silicon and infection by *Magnaportheoryzae*. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE SILÍCIO NA AGRICULTURA, 5., 2010, Viçosa, MG. **Anais**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosas, 2010. p. 227-238.

D'ÁVILA, L. S. **Diversidade de patótipos e estrutura de populações de *Magnaportheoryzae* no sul do Brasil**. 2014. 100 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

FAUTEUX, F. et al. Silicon and plant disease resistance against pathogenic fungi. **FEMS Microbiology Letters**, Amsterdam, v. 249, n. 1, p. 1-6, Aug. 2005.

FILIPPI, M. C.; PRABHU, A. S. Phenotypic virulence analysis of *Pyriculariagrisea* isolates from brazilian upland rice cultivars. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 36, n. 1, p. 27-35, jan. 2001.

FILIPPI, M. C. et al. Genetic diversity and virulence pattern in field populations of *Pyriculariagrisea* from rice cultivar Metica-1. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 12, p. 1681-1688, dez. 2002.

FILIPPI, M. C. et al. Leaf blast (*Magnaportheoryzae*) suppression and growth promotion by rhizobacteria on aerobic rice in Brazil. **Biological Control**, San Diego, v. 58, n. 2, p. 160-166, Aug. 2011.

FRANÇA, S. K. S. et al. Biocontrol of sheath blight by *Trichodermaasperellum* in tropical lowland rice. **Agronomy for Sustainable Development**, Paris, v. 35, p. 317-324, 2015.

FREY, K. J. et al. Management systems for host genes to control disease loss. In: DAY, P. R. (Ed.). **The genetic basis of epidemics in agriculture**. New York: New York Academy of Sciences, 1977. p. 255-274. (Annals of the New York Academy of Sciences, 287).

GARRIDO, L. R. **Desenvolvimento e uso de marcadores de regiões hipervariáveis do genoma de *Magnaportheogrisea* análise da estrutura de populações do patógeno infectando plantações de arroz**. 2001. 188 f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) - Universidade de Brasília, Brasília, DF.

GEORGE, M. L. C. et al. Rapid genetic analysis of *Magnaportheogrisea* with PCR using endogenous repetitive DNA sequences. **Phytopathology**, St. Paul, v. 88, n. 3, p. 223-229, Mar. 1998.

GONÇALVES, F. J. **Estrutura populacional de isolados de *Magnaportheoryzae* Couch & Kohn de regiões produtoras de arroz (*Oryza sativa*) no Brasil**. 2013. 129 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

GUIMARÃES, R. A. **Caracterização de isolados de *Sarocladiumoryzae* e seu potencial na supressão da brusone foliar em arroz**. 2014. 105 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

HERRERA RODRÍGUEZ, M. C. **Utilização de extrato padronizado e óleo essencial de *Rosmarinus officinalis* L. (Lamiaceae) no controle da brusone (*Magnaportheoryzae*) do arroz (*Oryza sativa* L. Poaceae)**. 2015. 105 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

HITTALMANI, S. et al. Fine mapping and DNA marker-assisted pyramiding of the three major genes for blast resistance in rice. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 100, n. 7, p. 1121-1128, May 2000.

INUKAI, T. et al. Differentiation of pathogenic races of rice blast fungus by using near-isogenic lines with Indica genetic background. **Journal of the Faculty of Agriculture Hokkaido** 66:27-35. 1994.

KORNDÖRFER, G. K. et al. Influence of silicon on grain discoloration and upland rice grown on four savanna soils of Brazil. **Journal of Plant Nutrition**, New York, v. 22, n. 1, p. 93-102, 1999.

LEVY, M. et al. DNA fingerprinting with a dispersed repeated sequence resolves pathotype diversity in the rice blast fungus. **Plant Cell**, Rockville, v. 3, n. 1, p. 95-102, Jan. 1991.

LEVY, M. et al. Genetic diversity of the rice blast fungus in a disease nursery in Colombia. **Phytopathology**, St. Paul, v. 83, n. 12, p. 1427-1433, Dec. 1993.

LING, K. C.; OU, S. H. Standardization of the international race numbers of *Pyriculariaoryzae*. **Phytopathology**, St. Paul, v. 59, n. 3, p. 339-342, Mar. 1969.

MALAVOLTA, V. M. A.; SOUZA, T. M. W. Variabilidade de *Pyriculariaoryzae* no Estado de São Paulo. **SummaPhytopathologica**, Jaguariúna, v.18, n.3/4, p.287-290, jul./dez. 1992.

MARTINELLI, J. A. Uso de misturas varietais para o controle de doenças de plantas. **Revisão Anual de Patologia de Plantas**, Passo Fundo, v. 1, p. 121-142, 1993.

MCDONALD, B. A. The population genetics of fungi: tools and techniques. **Phytopathology**, St. Paul, v. 87, n. 4, p. 448-453, Apr. 1997.

MCDOUGALL, P. **R&D trends for chemical crop protection products and the position of the European market: a consultancy study undertaken for ECPA**. United Kingdom: Phillips McDougall, 2013. 23 p.

OLIVEIRA, J. C. **Caracterização de isolados de *Xanthomonascitrisubsp. malvacearum* e redução da mancha-angular do algodoeiro mediada pelo silício**. 2010. 112 f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

OU, S. H. **Rice disease**. 2nd ed. Kew: Commonwealth Mycological Institute, 1985. 380 p.

PARLEVLIET, J. E. Components of resistance that reduce the rate of epidemic development. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 17, p. 203-224, 1977.

PEREIRA, S. C. et al. Efeito da aplicação foliar de silício na resistência à ferrugem e na potencialização da atividade de enzimas de defesa em cafeeiro. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, DF, v. 34, n. 4, p. 223-230, jul./ago. 2009.

PINHEIRO, T. M. et al. Tagging microsatellite markers to a blast resistance gene in the irrigated rice cultivar Cica-8. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 12, n. 3, p. 164-170, set. 2012.

PRABHU, A. S. Misturas de cultivares no controle de brusone nas panículas em arroz de sequeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 25, n. 8, p. 1183-1192, ago. 1990.

PRABHU, A. S.; BEDENDO, I. P. Avaliação de resistência horizontal a brusone em cultivares de arroz. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 16, n. 1, p. 34-39, mar. 1991.

PRABHU, A. S.; FILIPPI, M. C. Graus de resistência a brusone e produtividade de cultivares melhoradas de arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 36, n. 12, p. 1453-1459, dez. 2001.

PRABHU, A. S.; FILIPPI, M. C. Especialização fisiológica. In: PRABHU, A. S.; FILIPPI, M. C. C. (Ed.). **Brusone em arroz: controle genético, progresso e perspectivas**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. p. 69-112.

PRABHU, A. S.; SILVA, S. C.; FILIPPI, M. C. Impacto potencial das mudanças climáticas sobre as doenças do arroz no Brasil. In: GHINI, R.; HAMADA, E. (Ed.). **Mudanças climáticas: impactos sobre doenças de plantas no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Jaguariúna: Embrapa Meio Ambiente, 2008. p. 141-158.

PRABHU, A. S.; FILIPPI, M. C.; ARAÚJO, L. G. Pathotype diversity of *Pyriculariaagrisea* from improved upland rice cultivars in experimental plots. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 27, n. 5, p. 468-473, set./out. 2002a.

PRABHU, A. S. et al. Genetic and phenotypic characterization of isolates of *Pyriculariaagrisea* from the rice cultivars Epagri 108 and 109 in the state of Tocantins. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 27, n. 6, p. 566-573, nov./dez. 2002b.

PRABHU, A. S. et al. **Silicon from disease control perspective in Brazil**. In: DATNOFF, L. E.; SNYDER, G. H.; KORNDÖRFER, G. H. (Ed.). **Silicon in agriculture**. Amsterdam: Elsevier, 2001. p. 293-311.

REIS, K. B. **Extrato padronizado de *Rutagraveolens* L: avaliação de seu potencial no controle da brusone no arroz**. 2013. 145 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Farmacêuticas) – Faculdade de Farmácia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

RIBEIRO, A. S.; TERRES, A. L. S. Variabilidade do fungo *Pyriculariaoryzae* e sua relação com cultivares resistentes à brusone. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 12, n. 4, p. 316-321, dez. 1987.

- ROBINSON, R. A. **Plantpathosystems**. Berlin: Springer-Verlag, 1976. 183 p. (Advanced Series in Agricultural Science, 3).
- RODRIGUES, F. A. et al. Silicon influences cytological and molecular events in compatible and incompatible rice-*Magnaporthe grisea* interactions. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, London, v. 66, n. 4, p. 144-159, Apr. 2005.
- ROSS, W. J. et al. The use of RAPDs and MGR 586 DNA fingerprinting to characterize rice blast isolates of *Pyricularia grisea* from single locations in Arkansas. *Phytopathology*, v. 85, 1199 (Abstract). 1995
- ROUMEN, E.; LEVY, M.; NOTTEGHEM, J. L. Characterization of the European pathogen population of *Magnaporthe grisea* by DNA fingerprinting and pathotype analysis. **European Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 103, n. 4, p. 363-371, May 1997.
- SENA, A. P. A. et al. Increased enzymatic activity in rice leaf blast suppression by crude extract of *Epicoccum* sp. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, DF, v. 38, n. 5, p. 387-397, set./out. 2013.
- SHORESH, M.; HARMAN, G. E.; MASTOURI, F. Induced systemic resistance and plant responses to fungal biocontrol agents. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 48, p. 21-43, 2010.
- SILVA, G. B. et al. Estimation of phenotypic diversity in field populations of *Magnaporthe grisea* from two upland rice cultivars. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v. 32, n. 1, p. 5-12, jan./fev. 2007.
- SILVA, J. C. et al. Rice sheath blight biocontrol and growth promotion by *Trichoderma* isolates from the Amazon. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 55, n. 4, p. 243-250, 2012.
- SOUZA, T. P. **Indução de crescimento e resistência à brusone em plantas de arroz por ação de biopromotores e adubação silicatada**. 2014. 57 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém, PA.
- SOUZA A. C. A. et al. Enzyme-induced defense response in the suppression of rice leaf blast (*Magnaporthe oryzae*) by silicon fertilization and bioagents. **International Journal of Research Studies in Biosciences**, v. 3, n. 5, p. 22-32, May 2015.
- TENÓRIO, J. H. F. et al. Validação de marcadores moleculares associados à resistência parcial a *Magnaporthe oryzae* para aplicação em seleção assistida por marcadores (SAM). In: SEMINÁRIO JOVENS TALENTOS, 9., 2015, Santo Antônio de Goiás. Coletânea dos resumos apresentados. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2015.
- URASHIMA, A. S.; ISOGAWA, Y. Identification of races of *Pyricularia oryzae* causing blast disease in cultivar IAC 4440 in Paraíba Valley-SP. **Summa Phytopathologica**, Piracicaba, v. 16, n. 3/4, p. 243-247, 1990.
- VALENT, B.; CHUMLEY, F. G. Molecular genetic analysis of the rice blast fungus *Magnaporthea grisea*. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 29, p. 443-467, 1991.
- VANDERPLANK, J. E. **Plant diseases: epidemics and control**. New York: Academic Press, 1963. 349 p.
- VESSEY, J. K. Plant growth promoting rhizobacteria as biofertilizers. **Plant and Soil**, The Hague, v. 255, n. 2, p. 571-586, Aug. 2003.
- VINALE, F. et al. *Trichoderma*-plant-pathogen interactions. **Soil Biology and Biochemistry**, Elmsford, v. 40, n. 1, p. 1-10, Jan. 2008.
- WOLFE, M. S. The current status and prospects of multiline cultivars and variety mixtures for disease resistance. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 23, p. 251-273, 1985.
- XIA, J. Q. et al. Regional population diversity of *Pyricularia grisea* in Arkansas and the influence of host selection. **Plant Disease**, St. Paul, v. 84, n. 8, p. 877-884, Aug. 2000.
- ZEIGLER, R. S. et al. The relationship between lineage and virulence in *Pyricularia grisea* in the Philippines. **Phytopathology**, St. Paul, v. 85, n. 4, p. 443-451, Apr. 1995.
- ZHU, Y. et al. Genetic diversity and disease control in rice. **Nature**, London, v. 406, p. 718-722, Aug. 2000.