

Diversidade fenotípica e estrutura populacional de isolados de *Magnaporthe oryzae* associados ao arroz no Sul do Brasil

Leilane Silveira D'Ávila¹, Emerson Medeiros Del Ponte², Marta Cristina Corsi de Filippi³

A produtividade dos cultivos de arroz pode ser afetada negativamente pela ocorrência de doenças, destaca-se a brusone (*Magnaporthe oryzae* Couch). Relatada em todas as áreas produtoras de arroz do mundo, especialmente no Brasil, seus danos são variáveis e fortemente influenciados pelo grau de resistência das cultivares, pelas condições meteorológicas sazonais e desbalanço nutricional. A utilização de cultivares resistentes é considerada a tática ideal e que tem levado os programas de melhoramento genético do arroz a intensificar esforços na incorporação de genes de resistência à brusone. No entanto, a variabilidade genética de *M. oryzae* em relação à virulência tem sido a principal causa da baixa durabilidade da resistência de cultivares. No Brasil a maioria dos estudos sobre monitoramento de patótipos e de estrutura de populações de *M. oryzae* foram conduzidos com isolados de áreas de produção do centro e do norte do Brasil. Nos estados do Sul do Brasil, onde se concentra a maior parte das áreas de produção do país é desconhecida a diversidade de patótipos e a estrutura das populações atuais. Neste sentido, com uma ampla amostragem georeferenciada em lavouras de arroz irrigado nos estados do RS e SC, em uma safra cujas epidemias de brusone foram generalizadas, o presente estudo objetivou determinar os patótipos atualmente presentes nessas regiões baseando-se na série internacional de cultivares diferenciadoras e caracterizar a diversidade genética e estrutura populacional do patógeno usando marcadores microssatélites. Para tal, uma população de 224 isolados foi obtida de folhas e panículas sintomáticas coletadas em 17 municípios dos Estados do Rio Grande do Sul - RS (147 isolados) e Santa Catarina - SC (77 isolados) na safra 2012/13. As sementes de arroz das séries diferenciadoras nacionais e internacionais foram semeadas em bandejas plásticas (15 x 30 x 10 cm) contendo 3 kg de solo adubado com NPK (5g de 5-30-15 + Zn e 3g de sulfato de amônio por 3 kg de solo). Em copos plásticos de 500 mL foram semeadas as cultivares de origem dos isolados. Aos 21 dias após plantio a inoculação foi realizada pela pulverização de uma suspensão padronizada de conídios (3×10^5 conídios ml⁻¹) dos isolados. Aos nove dias após a inoculação a avaliação foi realizada visualmente nas folhas utilizando-se uma escala descritiva de notas (0 a 9), atribuindo-se uma das cinco notas da escala com base na observação do tipo de reação/lesão presente nas folhas. O patótipo foi identificado com base na sequência de valores binários (S ou R), seguindo-se a chave proposta por Ling & Ou (1969) e Prabhu & Filippi (2006). De uma subamostra de 192 isolados foi extraído o DNA pelo método Dellaporta (1985) modificado. Foram realizadas reações de PCR com 10 pares de primers (marcadores microssatélites). Os fragmentos amplificados foram visualizados em gel de poliacrilamida (6%) para genotipagem dos indivíduos. No total, foram identificados 75 patótipos. Os dois patótipos mais prevalentes foram o IH-1 (23 isolados), encontrado somente no RS, e o BF-4 (38 isolados). Em SC, o patótipo mais prevalente foi o IB-46 (21 isolados). Com base nos padrões gerados pelos microssatélites, os isolados foram agrupados em quatro subpopulações, ou linhagens distintas. Duas linhagens, encontradas no RS, foram compostas uma por isolados da cultivar Puitá INTA CL e outra por isolados da cultivar Guri INTA CL. Uma terceira linhagem agrupou isolados apenas de Santa Catarina e, por último, uma linhagem agrupou isolados distribuídos nos dois estados e em diferentes cultivares. De acordo com a ANOVA a maior variabilidade foi detectada dentro das linhagens (91,7%) do que entre as linhagens (9,3%). As informações geradas podem ser úteis para os programas de melhoramento na busca de fontes de resistência considerando as populações distintas nas regiões produtoras. Com a utilização de indivíduos representantes destas linhagens podemos selecionar genes de resistência e incorporá-los através de piramidização em um genótipo a ser lançado visando à demanda orizícola da região sul do Brasil.

¹ Engenheira Agrônoma, Mestre em Fitotecnia pela UFRGS, silveiraileilane@gmail.com

² Engenheiro Agrônomo, Dr. em Fitossanidade pela UFPEL, professor associado da UFV, delponte@ufv.br

³ Engenheira Agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br