

REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO PORTADORES DA TRANSLOCAÇÃO 2NS/AS À BRUSONE DO TRIGO

**Carlos Augusto Pizolotto¹; João Leodato Nunes Maciel²; José Maurício Cunha Fernandes²;
Walter Boller³**

¹Bolsista Capes/Embrapa, Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade de Passo Fundo. ²Pesquisador da Embrapa Trigo. ³Professor do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade de Passo Fundo.

A brusone do trigo, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*, é foco central dos programas de melhoramento genético de trigo, que buscam fontes de resistência para o desenvolvimento de cultivares com níveis adequados de resistência a essa doença, especialmente quando cultivados em regiões subtropicais e tropicais. Esta demanda ocorre em virtude dos danos que a brusone provoca. Em 2016, foi relatada a existência da relação entre a presença do segmento cromossomal 2NS/AS (derivado de *Aegilops ventricosa*) no genoma de genótipos de trigo e a resistência à brusone do trigo. O objetivo deste trabalho foi avaliar a reação à brusone de 21 genótipos de trigo, derivados de cruzamentos genéticos com a cultivar Milan, e verificar se esses são portadores da translocação 2NS/AS. Os 21 genótipos são parte da coleção “Brusone do Trigo” pertencente ao Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT). Em laboratório, via análise molecular, verificou-se a presença da translocação 2NS/AS nos 21 genótipos. Em casa de vegetação (2 experimentos) as plantas dos 21 genótipos foram conduzidas até o início da antese e, depois, submetidas à inoculação com uma suspensão de conídios do isolado de *P. oryzae*, Py 12.1.209, na concentração de 10⁵ conídios/mL. Após a inoculação, as plantas foram mantidas a 24 °C, sob UR >90%, e fotoperíodo de 12 h. Dez dias após a inoculação, a severidade da doença nas espigas, e o número de pontos de infecção na ráquis foram avaliados. A análise molecular determinou que todos os genótipos possuíam o segmento 2NS/AS em seus genomas. O genótipo 514 foi diferente de todos os demais, com menor severidade da doença nas espigas. Em relação ao número de pontos de infecção por ráquis, os genótipos 514, 583 e 956 foram diferentes dos demais, com menor número de pontos de infecção por ráquis. Os resultados permitem concluir que a presença do segmento cromossomal 2NS/AS no genoma não necessariamente significa resistência à brusone na espiga.

Palavras-chave: *Magnaporthe oryzae*, sequência cromossomal, resistência genética.

Apoio: CAPES, Embrapa-Trigo, UPF.