

## Detecção de Marcadores SNPs Ligados a Genes de Avirulência de *Magnaporthe oryzae*

Letícia de Maria Oliveira Mendes<sup>1</sup>, Aluana Gonçalves de Abreu<sup>2</sup>, Tereza Cristina de Oliveira Borba<sup>3</sup>, Marta Cristina Corsi de Filippi<sup>4</sup>, Valácia Lemes Silva-Lobo<sup>5</sup>, Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes<sup>6</sup> e Lúcia Vieira Hoffmann<sup>7</sup>

<sup>1</sup> Bióloga, mestranda em Proteção de Plantas, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>2</sup> Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>3</sup> Engenheira de Alimentos, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>4</sup> Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Patologia e Microbiologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>5</sup> Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>6</sup> Biólogo, doutor em Genética e Biologia Molecular, Professor no Instituto Federal Goiano - Campus Urutaí, Urutaí, GO

<sup>7</sup> Engenheira-agrônoma, doutora em Microbiologia Agrícola, pesquisadora da Embrapa Algodão - Núcleo Regional Goiás, Santo Antônio de Goiás, GO

**Resumo** - A principal doença da cultura do arroz é a brusone, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*. O fungo possui alta variabilidade e está organizado em populações que são compostas por patótipos ou raças fisiológicas com características de virulência distintas. Obter informações de quais genes *Avr* estão presentes ou ausentes em determinadas regiões pode orientar a implantação do gene *R* no arroz. O objetivo deste trabalho foi realizar a identificação de marcadores SNPs ligados a genes de avirulência em isolados brasileiros de *M. oryzae* a partir do sequenciamento genômico. Foram utilizados isolados da coleção de microrganismos da Embrapa Arroz e Feijão, coletados em seis estados (MG, MT, SC, RS, TO e MA), de cultivares de terras altas e irrigado. Foram selecionados os isolados mais virulentos por inoculação nas séries diferenciadoras da Embrapa Arroz e Feijão, MGa87, MTa91, SCi97, RSi59, TOi67, MAi68. O DNA dos isolados foram extraídos e sequenciados via tecnologia Illumina. Ao todo, foram identificados 80.468 marcadores SNPs, sendo 42 SNPs ligados a genes de avirulência listados na literatura. Entre os genes de avirulência foram identificados um SNP para *Avr-Pizt*; dois SNPs para *Avr-CO39*, *Avr-Pii*, *Avr-Pik/k/m* e *AvrPib*; três SNPs para *Avr Pi54*; e quatro para *Avr-Pita 1*. Obteve-se dos genomas montados, média de 11.800 contigs, com cobertura de 43x a 44x e uma média de conteúdo GC de 51%. Os genomas estão montados e aptos para novos estudos, tais como anotação genômica e predição genômica. Esperamos, proximamente, desenhar primers para a validação desses marcadores SNPs.