

Análise Genômica de Isolados Brasileiros de *Magnaporthe oryzae* de Arroz

Letícia de Maria Oliveira Mendes¹, Marta Cristina Corsi de Filippi², Valácia Lemes Silva-Lobo³, Alexandre Siqueira Guedes Coelho⁴, Lúcia Vieira Hoffmann⁵, Leila Garcês de Araújo⁶ e Anne Sitarama Prabhu⁷

¹ Bióloga, doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

² Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia e Microbiologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, professor e pesquisador da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Microbiologia Agrícola, pesquisadora da Embrapa Algodão - Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Engenheira-agrônoma, doutora em Agronomia, professora e pesquisadora da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, consultor do Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento, Goiânia, GO

Resumo - A brusone do arroz (*Magnaporthe oryzae*) causa perdas de até 100% na produção. O patógeno apresenta alta variabilidade genética e está organizado em populações que são compostas por patótipos ou raças fisiológicas com características de virulência distintas. Portanto, o objetivo deste trabalho foi analisar a composição genética de seis isolados brasileiros obtidos de *M. oryzae* em cultivares de arroz. Foram selecionados os isolados mais virulentos por inoculação nas séries diferenciadoras da Embrapa Arroz e Feijão, coletados nos estados de MG, MT, SC, RS, TO e MA, de cultivares de terras altas e irrigado. Foram sequenciados os isolados MGa87, MTa91, SCi97, RSi59, TOi67, MAi68 por meio da tecnologia Illumina. Foi realizada a montagem de novo dos genomas no Software SPAdes. Os contigs gerados da montagem foram alinhados ao genoma de referência de *M. oryzae* 70-15 (MG8). A predição de genes do genoma foi realizada no Software Augustus. Os genes de avirulência foram identificados com o makeblastdb e BLASTN em sequências de proteínas. A identificação de transposons foi realizada no programa RepeatMasker. Um total de 10.660 genes foram identificados, dentre os quais foram anotados quatro de avirulência: Avr-Pii, Avr-Pik-I, Avr-Pik-J, Avr-Pi54 e Avr-Pii. Também identificados 113.937 elementos repetitivos, dos quais 33.814 são transposons (29.144 retrotransposons + 4.670 transposons de DNA), 70.806 repetições simples, 9.286 regiões de baixa complexidade e 31 pequenos RNAs. Os resultados comprovam, pela primeira vez, a presença de transposon e RNA pequenos em isolados brasileiros, capazes de facilitar a evolução de genes, possivelmente aumentando os rearranjos cromossômicos e outras formas de variação genética.