

FONTES DE RESISTÊNCIA A *Magnaporthe oryzae* COM POTENCIAL DE USO NO MELHORAMENTO DE ARROZ (*Oryza sativa*)

Raquel Neves de Mello¹; Alcides Mariano Neto²; Bruna Carla Fagundes Crispim³; Lucas da Silva Rézio⁴; Aluana Gonçalves de Abreu⁵; Tereza Cristina de Oliveira Borba⁶; Marta Cristina Corsi de Filippi⁷

Palavras-chave: brusone, Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE), *Oryza glumaepatula*.

INTRODUÇÃO

Magnaporthe oryzae Couch & Kohn é o agente causal da doença conhecida como brusone do arroz. Por sua ampla distribuição geográfica e, sobretudo, pela magnitude dos danos que provoca, é a doença mais importante que afeta a cultura no mundo (Ballini et al., 2008). Embora a resistência genética seja considerada a estratégia de controle mais econômica e de menor impacto para o ambiente, o controle químico ainda é a medida mais utilizada pelos produtores para minimizar as perdas causadas pela doença. Esta situação advém da instabilidade da resistência cujos mecanismos são frequentemente comprometidos pela grande variabilidade do patógeno que dá origem a populações capazes de suplantar a resistência após poucos anos de lançamento da cultivar (Koizume, 2007). Os programas de melhoramento têm assim investido em estratégias que prolonguem a vida útil da resistência. A combinação de vários genes em uma única cultivar ou pirâmidação gênica, com cada gene reconhecendo um grupo diferente de isolados de *M. oryzae*, tem sido sugerida como uma estratégia promissora para o controle da brusone (Qu et al., 2006). Da mesma forma, o desenvolvimento de multilinhas, uma variação da pirâmidação em que genes distintos são incorporados em linhagens quase isogênicas, tem sido uma das estratégias utilizadas para alcançar resistência estável a *M. oryzae* em cultivares de arroz no Brasil (Rangel et al., 2009). Para isto, entretanto, é necessário que doadores de genes de resistência efetivos contra os patótipos locais de *M. oryzae* sejam identificados e seus alelos caracterizados. A partir deste “banco de genes”, os programas de melhoramento passam a ter à disposição genes que podem ser alternados nas cultivares, reduzindo a pressão de seleção sobre as populações do patógeno, além de doadores para pirâmidação e multilinhas. Este trabalho teve o objetivo de identificar e selecionar potenciais doadores de genes de resistência a *M. oryzae* úteis aos programas de melhoramento de arroz no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 636 genótipos, em condições de casa de vegetação, quanto à resistência a um número de isolados de *M. oryzae* que variou, para cada genótipo, entre 24 e 107. Estes isolados representam a variabilidade das populações nacionais do patógeno. Os genótipos avaliados foram compostos pelos 550 acessos da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE), 66 fontes de resistência nacionais e internacionais e 36 linhagens de um cruzamento interespecífico entre *O. sativa* e *O. glumaepatula*. Diante da duplicidade de fontes de resistência na CNAE, o número total de genótipos testados foi de 636.

As fontes de resistência foram selecionadas a partir de listas adotadas pelo CIAT (Colômbia) e pelo IRRI (Filipinas). Vinte e seis fontes de resistência foram selecionadas e

¹Doutora em Fitopatologia, Embrapa Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, 75375-000, Santo Antônio de Goiás, GO, raquel.neves.mello@embrapa.br

²Engenheiro Agrônomo, Embrapa Arroz e Feijão

³Mestre em Fitopatologia, Embrapa Arroz e Feijão

⁴Engenheiro Agrônomo, Embrapa Arroz e Feijão

⁵Doutora em Genética e Biologia Molecular, Embrapa Arroz e Feijão

⁶Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Arroz e Feijão

⁷Doutora em Fitopatologia, Embrapa Arroz e Feijão

utilizadas neste trabalho, assim como 11 cultivares diferenciadoras nacionais (Silva et al., 2011) e internacionais (Atkins et al., 1967). Adicionalmente, um conjunto de 29 linhas monogênicas derivadas da cultivar japônica LTH (Kobayashi et al., 2007) foram analisadas, totalizando 66 fontes de resistência.

As linhagens interespecíficas entre *O. sativa* e *O. glumaepatula* foram compostas por um acesso de *O. glumaepatula* derivado de coleta (RS-16) e 34 linhagens derivadas do cruzamento interespecífico entre BG 90-2 (*O. sativa*) e RS-16, além do genitor BG90-2.

Os isolados de *M. oryzae* utilizados foram oriundos de áreas de produção de arroz e pertencem ao acervo da Micoteca da Embrapa Arroz e Feijão. Estes representam os três sistemas de cultivo de nove diferentes estados da federação (Irrigado Subtropical: RS e SC; Irrigado Tropical: MS e TO; Terras Altas: MG, GO, MT, PA e RO).

A inoculação foi realizada segundo metodologia descrita por Filippi e Prabhu (2001). A severidade da doença foi avaliada sete dias após a inoculação, através da observação visual da intensidade dos sintomas nas folhas, baseada na escala de 0 a 9 adaptada de Leung et al. (1988). Plantas apresentando notas de 0 a 3 foram consideradas resistentes, enquanto plantas que apresentaram notas de 5 a 9 foram consideradas suscetíveis. Os experimentos foram conduzidos na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, no período de agosto de 2009 a dezembro de 2012.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Trinta e dois genótipos apresentaram resistência ampla aos isolados nacionais de *M. oryzae*, sendo indicados como fontes de resistência promissoras para os programas de melhoramento. Destes, sete são cultivares ou linhagens introduzidas, seis são cultivares oriundas dos programas de melhoramento nacional, 13 são variedades tradicionais e seis são fontes internacionais de resistência (Tabela 1).

Entre os sete genótipos introduzidos com resistência aos isolados locais de *M. oryzae*, a linhagem mexicana C79-272-4-1-2-3-10 destacou-se por apresentar resistência a todos os 77 isolados com os quais foi testada. Dentre as seis linhagens nacionais, o melhor desempenho foi o da cultivar Empasc 104, que apresentou resistência a 87 de 100 isolados. Ambas as linhagens são de arroz irrigado.

Entre as variedades tradicionais, dois acessos Lageado, CA790011 e CA790255, apresentaram desempenho destacado, com resistência, respectivamente, a 56 e 54 dos 63 isolados testados. Ambas as variedades são de cultivo irrigado e foram coletadas no Maranhão.

Seis fontes de resistência internacionais apresentaram resistência ampla aos isolados nacionais de *M. oryzae*: Três Marias, variedade tradicional com histórico de alta resistência em condições de campo (Prabhu et al., 1982; Chaudhary, 1996); Carreon, cultivar indica tradicional das Filipinas que apresenta o gene Pi33 (Berruyer et al., 2003); Tetep, cultivar indica vietnamita largamente utilizada em programas de melhoramento por conferir resistência de amplo espectro (IRRI, 1995); Cica 9, cultivar resistente desenvolvida pelo CIAT para o sistema irrigado; Huan-sen-goo, cultivar chinesa; e Raminad Str-3, uma das oito cultivares utilizadas como diferenciadoras de patótipos de *M. oryzae* (Atkins et al., 1967). Nenhuma das linhagens monogênicas de LTH apresentou resistência promissora, indicando que os genes que elas carregam, individualmente, não conferem resistência ampla aos isolados nacionais de *M. oryzae*.

Embora algumas linhagens oriundas do cruzamento interespecífico entre *O. sativa* e *O. glumaepatula* tenham apresentado resistência a alguns isolados, curiosamente, o parental silvestre RS-16 apresentou reação suscetível à maioria, enquanto o parental cultivado BG 90-2 foi resistente a alguns isolados. Os resultados indicam assim que a resistência expressa por algumas linhagens pode ser derivada do genitor cultivado e não do genitor silvestre.

Tabela 1. Genótipos resistentes a isolados nacionais de *M. oryzae*. Embrapa, Santo Antônio de Goiás, 2013.

NUMERO BAG	NOME DO ACESSO	ORIGEM
SISTEMA IRRIGADO		
VARIEDADES TRADICIONAIS		
CA790345	Lageado	MA
CA810011	Bico Preto	ES
CA840184	Lageado/Arroz Capim	PI
CA870181	Arroz Lageado	CE
CA780392	Lageado	PB
CA790011	Lageado	MA
CA790255	Lageado	MA
CA840029	Lageado	PI
CA840158	Lageado	PI
MELHORAMENTO NACIONAL		
CNA0008598	BRS Biguá	Embrapa
CNA0006130	EMPASC 104	Empasc
CNA0007553	BRS Formoso	Embrapa
INTRODUÇÕES		
CNA0000923	C 79-272-4-1-2-3-10	INIFAP, México
CNA0001420	Carreon	Filipinas
CNA0003446	IR 34	IRRI, Filipinas
CNA0004579	Camponi	SML, Suriname
CNA0004625	Tetep	Vietnan
CNA0002912	Raminad Strain 3	University of Phillipines, Filipinas
CNA0000941	Cica 9	CIAT, Colômbia
CNA0004480	IRAT 124	CIRAD, Madagascar
CNA0011161	Huan-sen-go	China
SISTEMA DE TERRAS ALTAS		
VARIEDADES TRADICIONAIS		
CNA0006606	Três Marias	
CA790196	Palha Murcha	MA
CA870012	Carioquinha Amarelo	GO
MELHORAMENTO NACIONAL		
CNA0004206	Araguaia	Embrapa
CNA0006666	A 12-286-1-1	lapar
CNA0008093	L 285	Embrapa
INTRODUÇÕES		
CNA0004759	TOX 514-16-101-1	IITA, Nigéria
CNA0009154	CT 13370-2-M	CIAT, Colômbia
CNA0005287	IRAT 162	CIRAD, Costa do Marfim
FACULTATIVOS		
VARIEDADES TRADICIONAIS		
CNA0004482	Brasileiro	
CA810036	Maranhão ou Bico Roxo	ES

CONCLUSÃO

Foram identificadas 32 fontes de resistência aos isolados nacionais de *M. oryzae*. Estas fontes de resistência apresentam-se como doadoras potenciais de genes para os programas de melhoramento que visam resistência a *M. oryzae*.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Convênio Embrapa/Monsanto pelo financiamento do projeto (02.08.050.07.00).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ATKINS, J.G. et al. An international set of rice varieties for differentiating races of *Pyricularia oryzae*. **Phytopathology**, v. 57, p. 297-301, 1967.
- BALLINI, E. et al. A genomic-wide meta-analysis of rice blast resistance genes and quantitative trait loci provides new insights into partial and complete resistance. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 21, n. 7, p. 859-868, 2008.
- BERRUYER, R. et al. Identification and fine mapping of Pi33, the rice resistance gene corresponding to the *Magnaporthe grisea* avirulence gene ACE1. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, p. 1139-1147, 2003.
- CHAUDHARY, R.C. Internationalization of elite germplasm for farmers: collaborative mechanisms to enhance evaluation of rice genetic resources. In: **Plant genetic resources: characterization and evaluation. New approaches for improved use of plant genetic resources**. Tsukuba: National Institute of Agrobiological Resources, 1996. p. 221-243.
- FILIPPI, M.C.; PRABHU, A.S. Phenotypic virulence analysis of *Pyricularia grisea* isolates from Brazilian upland rice cultivars. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, p. 27-35, 2001.
- IRRI. **Parentages of IRRI crosses**. Manila: International Research Institute, 1995.
- KOBAYASHI, N. et al. Development of new sets of international standard differential varieties for blast resistance in rice (*Oryza sativa* L.). **JARQ**, v. 41, n. 1, p. 31 – 37, 2007.
- KOIZUMI, S. Durability of resistance to rice blast disease. In: FUKUTA, Y.; VERA CRUZ, C.M.; KOBAYASHI, N. (Ed.). **JIRCAS Working Report no. 53: A differential system for blast resistance for stable rice production environment**. Tsukuba: JIRCAS, 2007. p. 1-15.
- LEUNG, H. et al. Genetic analysis of virulence in the blast fungus *Magnaporthe grisea*. **Phytopathology**, v.78, p.1227-1233. 1988.
- PRABHU, A. S. et al. Fontes de resistência vertical a *Pyricularia grisea* em arroz. **Summa Phytopathologica**, v.8, p.78-90, 1982.
- QU, S. et al. The broad-spectrum blast resistance gene Pi9 encodes a nucleotide-binding site-leucine-rich repeat protein and is member of a multigenic family in rice. **Genetics**, v. 172, p. 1901-1914, 2006.
- RANGEL, P.H.N. et al. Mapeamento genético e piramidização de genes de resistência no desenvolvimento de multilinhas e cultivares compostas de arroz irrigado com resistência estável à brusone (*Pyricularia grisea*): relatório técnico. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2009. 65 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 243).
- SILVA, G. B. et al. Use of local rice cultivars as additional differentials to identify pathotypes of *Pyricularia oryzae*. **Bragantia**, v. 70, p. 860-868, 2011.