

Desenvolvimento de Marcadores SNPs Ligados a Genes de Avirulência de *Magnaporthe oryzae*

Letícia de Maria Oliveira Mendes¹, Nátaly Duarte Lopes da Costa², Aluana Gonçalves de Abreu³, Tereza Cristina de Oliveira Borba⁴, Marta Cristina Corsi de Filippi⁵, Valácia Lemes Silva-Lobo⁶, Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes⁷, Lúcia Vieira Hoffmann⁸

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

² Engenheira-agrônoma, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³ Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Engenheira de Alimentos, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁵ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia e Microbiologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁷ Biólogo, doutor em Genética e Biologia Molecular, Professor no Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí, Urutaí, GO

⁸ Engenheira-agrônoma, doutora em Microbiologia Agrícola, pesquisadora da Embrapa Algodão - Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - A principal doença da cultura do arroz é a brusone, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*, que pode acarretar até perdas totais de produção. O patógeno apresenta alta variabilidade genética por mutação, perda funcional dos genes de avirulência ou seleção de raças virulentas. O objetivo deste trabalho foi identificar marcadores SNPs ligados a genes de avirulência em seis isolados de *M. oryzae* de várias regiões brasileiras, entre os identificados como mais virulentos por inoculação nas séries diferenciadoras. O DNA foi extraído dos isolados MGa87, MTa91, SCi97, RSi59, TOi67 e Mai68 para o sequenciamento do genoma, utilizando a tecnologia Illumina®. O pipeline disponibilizado pelo software NGSEP foi utilizado para a identificação dos marcadores SNPs. O genoma referência utilizado nas análises foi o 70-15 (MG8), obtido no site European Nucleotide Archive (ENA). Identificaram-se 131.302 marcadores SNPs para os filtros Q20 e Q40. Para os 11 genes de avirulência conhecidos as posições foram confrontadas manualmente com as dos genes identificados no Ensembl Fungi por *blast* no genoma 70-15 (MG8). Foram identificados: um SNP para AVR-Pizt; dois SNPs para AVR-CO39, AVR-Pij, AVR-Pik/k/m e AvrPib; três SNPs para Avr Pi54; e quatro para AVR-Pita 1. Foi possível observar que houve mais variação entre os isolados MGa87, MTa91 e RSi59, em relação ao 70-15. Portanto, espera-se desenvolver primers para os marcadores SNPs ligados aos genes de avirulência identificados, os quais poderão ser usados como marcadores para identificação de diversidade e seleção de isolados mais virulentos para auxiliar na seleção de variedades de arroz resistentes à brusone.