

Alexandro Cardoso Carvalho ¹, Marcelo Gravina de Moraes ²

¹ Graduando em Agronomia – UFRGS, Porto Alegre-RS, Brasil. Bolsista BIC/UFRGS;

² Programa de pós graduação em Fitossanidade - UFRGS, Porto Alegre-RS, Brasil.

INTRODUÇÃO

A cultura de arroz, *Oryza sativa*, tem grande relevância no mundo, participando com 30% da produção mundial de cereais. O Brasil está em 9º lugar entre os maiores produtores de arroz. Porém esta produção sofre em média cerca de 30% de perda em função da doença brusone do arroz, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*. Além das perdas econômicas a doença causa um dano ao meio ambiente em função do uso excessivo de fungicidas. O melhoramento genético de plantas que visa a resistência ao patógeno é uma alternativa importante a fim de reduzir essas perdas. Neste sentido, esta pesquisa visa à caracterização de raças de *Magnaporthe oryzae* na cultura do arroz a fim de identificar genes de resistência importantes para o melhoramento genético visando à resistência.

MATERIAIS E MÉTODOS

Foram coletadas amostras de plantas com sintomas da doenças à campo com o auxílio de pesquisadores do Instituto Riograndense do Arroz. As amostras de panícula e/ou folha de arroz com sintomas da doença foram incubadas em câmaras úmidas por 12 horas a 25°C para a esporulação do fungo no tecido da planta. Após, os esporos foram isolados através da transferência para 2 placas de petri com meio de ágar- água, afim de separá-los para melhor visualização de sua germinação. Após 12 horas um bloco de ágar-água contendo um esporo foi transferido para um meio de ágar-aveia para o crescimento de uma colônia do fungo. Em torno de 10 dias, verificou-se por microscopia se o fungo presente era *Magnaporthe oryzae*.

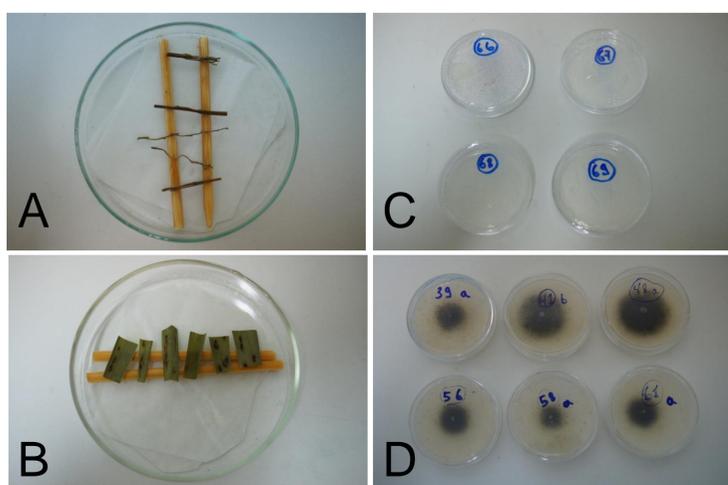


Fig. 1 - Câmaras úmidas em A e B. Placas de ágar-água em C. Placas de ágar-aveia em D. Fonte: LFM.

Os procedimentos de armazenamento definitivo foram executados através da colocação de pedaços de papel filtro autoclavados dentro de cada placa, afim de que o fungo colonizasse o papel e colocação desses em envelopes em freezer a -20°C. Na sequência foram feitos os procedimentos de inoculação do patógeno em isolinhas, as quais são plantas de arroz idênticas geneticamente com a exceção da presença de genes de

resistência a doença já conhecidos, a fim de caracterizar as raças de *Magnaporthe oryzae* anteriormente isoladas. O experimento consistiu de um bloco de 33 copos de 400 mL contendo substrato e vermiculita, 15 sementes de cada uma das 33 linhas isogênicas em cada copo, sendo as plantas cultivadas em estufas durante 15 dias. Os isolados foram preparados através da transferência de pedaços de ágar-aveia contendo a colônia de cada amostra para uma nova placa contendo o mesmo meio de cultura e, após 14 dias, fez a raspagem do micélio do fungo a fim de que o mesmo esporulasse. Cinco dias após a raspagem os esporos foram coletados com água e a solução contendo aproximadamente 100.000 esporos por mL de concentração usando a Câmara de Neubauer. A inoculação foi executada com uma pistola e compressor a 20 libras/pol² de pressão, 50 mL da suspensão de cada amostra para cada bloco. Após 14 dias avaliou-se a severidade da doença de acordo com o tamanho da lesão causada pelo patógeno, de acordo com o escore de 0 à 5.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Até o momento foram isoladas e armazenadas 66 amostras provenientes de 18 municípios e inoculadas 5 amostras para a caracterização de suas raças. Pode-se destacar a amostra do patógeno isolada a partir da cultivar IRGA 424 RI, que mostrou alta virulência e agressividade contra a maioria das linhas isogênicas avaliadas, encontrando-se somente 3 genes de resistência (Pii, Pita2 e Pi11(t)) que consistentemente resultaram em resistência. Portanto, os resultados referentes a este isolado indicam que a metodologia empregada foi eficiente para identificar raças do patógeno que devem ser consideradas para o estabelecimento de uma estratégia de resistência genética.



Fig. 2 – Lesões causadas por *Magnaporthe oryzae* em A. Blocos de plantas de arroz inoculadas com *Magnaporthe oryzae* – IRGA em B. Fonte: LFM.

CONCLUSÃO

Com os resultados destas caracterizações, sabendo-se os genes de resistência, pode-se futuramente aumentar a eficiência do melhoramento genético visando à resistência durável à doença.