

BASE GENÉTICA DA RESISTÊNCIA DE TRIGO À BRUSONE: AVANÇOS VIA ESTUDOS DE QTLs

Jéssica Rosset Ferreira^{1,2}, Gabriela Andriolio Camilotti^{1,2}, Caroline Turchetto², Luciano Consoli³, Gisele Abigail Montan Torres^{3(*)}, Carolina Cardoso Deuner¹, Sandra Maria Mansur Scagliusi³, Rachel Goddard⁴ e Paul Nicholson⁴

¹Universidade de Passo Fundo, BR 285, Km 292, CEP 99052-900, Passo Fundo, RS, Brasil; ²Estagiária da Embrapa Trigo; ³Embrapa Trigo, BR 285, Km 294, CEP 99050-970, Passo Fundo, RS, Brasil; ⁴John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney Ln, NR4 7UH, Norwich, Reino Unido. (*)Autor para correspondência: gisele.torres@embrapa.br

A infecção da espiga de trigo pelo fungo causador da brusone (*Magnaporthe oryzae*) é a forma mais danosa da doença. Após sua penetração na ráquis, o fungo coloniza o tecido e impede o transporte de nutrientes para a parte superior ao ponto de infecção, resultando na descoloração (ou branqueamento) da espiga, sintoma característico da doença. O bloqueio da passagem de nutrientes causado pelo fungo prejudica o enchimento dos grãos, comprometendo a qualidade e o rendimento de grãos. O ponto de infecção na ráquis (PIR) é caracterizado por lesão de coloração negra brilhante, de diferentes formas e tamanhos. Em inoculações conduzidas em ambiente controlado, observou-se grande variação para número de PIR, padrão também observado em campo. Ainda não há estudos que relacionem número de pontos de infecção com a produção de grãos.

O melhor método para o controle da doença é a utilização de cultivares resistentes, porém poucos genótipos são considerados resistentes à brusone. O mapeamento de QTLs (*quantitative trait loci*) associados à resistência de plantas a fungos está bem estabelecido, sendo que, para a brusone do arroz, mais de 350 QTLs de resistência foram mapeados e alguns deles são utilizados em programas de melhoramento através de seleção assistida por marcadores.

Estudos envolvendo mapeamento de QTLs de resistência de trigo a *M. oryzae* estão sendo desenvolvidos (Ferreira et al., 2017).

O objetivo deste trabalho foi identificar QTLs de resistência de trigo a *M. oryzae*. Foi considerada a variável de severidade de branqueamento, além das variáveis de número de PIR e produção de grãos, assim como a verificação das associações entre essas variáveis. Também foram usadas metodologias diferentes tanto na construção do mapa genético, com a inclusão de um marcador específico para a translocação 2NS/2AS, quanto na detecção dos QTLs.

A população de linhagens duplo-haploides de trigo utilizada neste estudo foi desenvolvida na Embrapa Trigo a partir do cruzamento entre a cultivar BRS 209 (suscetível) e o trigo sintético CBFusarium ENT014 (resistente), que são contrastantes quanto à velocidade de branqueamento da espiga. Da população original (133 linhagens, obtidas através da cultura de micrósporos), foram analisadas 72 linhagens no ano de 2013. Na fase de espigamento, espigas dos parentais da população e das linhagens foram aspergidas com solução de água deionizada e Tween 80 (controle) ou com suspensão de esporos (2×10^5 conídios/mL) de *M. oryzae*, isolado Py 6025 (inoculada). Foram realizadas quatro repetições para cada genótipo, sendo cada espiga considerada uma repetição. Entre 8 e 14 dias após a inoculação, foi avaliada a severidade de branqueamento, expressa pela porcentagem de espiguetas brancas (SEV). Ao fim do experimento, as espigas foram colhidas e trilhadas individualmente, sendo avaliados o número de grãos por espiga (NGE) e o peso médio do grão (PMG) das espigas controles e das inoculadas, calculando-se a proporção da produção da espiga inoculada em relação à da controle. Também foi contabilizado o número de pontos de infecção em cada lado da ráquis e calculada a média. Procedeu-se à correlação entre os dados de SEV, de produção de grãos e de número de PIR. Os genótipos parentais e 107 linhagens duplo-haploides foram genotipados com o chip de 35 mil SNPs, da plataforma Affymetrix (USA), além do marcador para a translocação 2NS/2AS. O mapa de ligação foi construído utilizando-se o programa MSTMap e os QTLs foram detectados através do

método de mapeamento de intervalo composto, utilizando-se o programa GenStat.

Até 14 dias após a inoculação, 20 linhagens apresentaram SEV inferior a 20% (Figura 1a). A proporção de NGE inoculada variou de 0,10 a 1,23 em relação ao controle, sendo que oito linhagens produziram maior número de grãos na condição inoculada (Figura 1b). A proporção do PMG por espiga inoculada variou de 0,01 a 1,21 em relação ao controle, sendo cinco linhagens com maior peso do grão na condição inoculada (Figura 1c). Quanto ao número de PIR, as linhagens apresentaram entre 4 e 53 pontos (Figura 1d). Nenhuma das linhagens apresentou número de PIR menor do que BRS 209 e 77% das linhagens apresentaram maior número de PIR do que CBFusarium ENT014. Com relação à SEV, foram observadas correlações negativas moderadas com NGE ($r = -0,66$), PMG ($r = -0,67$) e PIR ($r = -0,65$). Entre NGE e PMG, observou-se correlação positiva moderada de $r = 0,58$. Correlações positivas fracas foram observadas entre o número de PIR com NGE ($r = 0,36$) e com PMG ($r = 0,26$). Os resultados obtidos para NGE, PMG e PIR foram semelhantes aos observados por Ferreira et al. (2017).

Usando-se o programa MSTmap, foi possível alocar 844 marcas polimórficas nos 21 cromossomos, identificando-se seis QTLs com $LOD > 3$ (Tabela 1). Quatro QTLs, um para cada uma das variáveis avaliadas, foram alocados no cromossomo 2AS, explicando, em média, 55% da variação. Os outros dois QTLs correspondem à variável PIR e foram mapeados nos cromossomos 5BL e 7B, explicando 13,6% e 12,6% da variação fenotípica, respectivamente. O QTL relacionado com SEV explica 90% da variação fenotípica. Nenhum dos QTLs mapeados no cromossomo 2AS se sobrepõem, indicando a presença de diferentes genes. Esses QTLs também não colocalizam com os marcadores VENTRIUP e LN2, amplamente usados para a identificação da translocação 2NS/2AS (Helguera et al., 2003). Estudos estão em andamento para desenvolver marcadores ligados às características avaliadas, para uso em seleção de genótipos em programas de melhoramento genético.

Até onde se sabe, não existem trabalhos de identificação de QTLs de resistência de trigo a *M. oryzae* relatados na literatura. Os resultados para este

cruzamento indicam que, quanto mais lenta a velocidade de branqueamento das espigas dos genótipos, maiores são o NGE, o PMG e o número de PIR. Também se observa baixa associação entre número de PIR e a produção de grãos. Os QTLs mapeados reforçam a importância do braço curto do cromossomo 2A para a resistência à brusone. No entanto, nenhum dos QTLs encontrados colocalizam com o marcador mais utilizado para identificar a translocação 2NS/2AS. Trabalhos futuros indicarão marcadores moleculares específicos para os QTLs encontrados nesse trabalho.

TABELA 1. QTLs mapeados em população de trigo oriunda do cruzamento entre a cultivar BRS 209 (suscetível à brusone) e o trigo sintético CBFusarium ENT014 (resistente à brusone). Embrapa Trigo, Passo Fundo, 2018.

Variável ¹	Cromossomo	Posição (cM) ²	-log ₁₀ (P)	% Explicação da variação	Efeito aditivo
SEV	2AS	0	22,81	90,95	-0,38
NGE	2AS	18,32	7,01	39,56	0,16
PMG	2AS	10,13	8,69	43,14	0,22
PIR	2AS	5,46	9,93	47,66	14,42
PIR	5BL	81,79	4,56	13,56	7,69
PIR	7B	27,84	3,70	12,60	7,41

¹ SEV: severidade de branqueamento da espiga, NGE: número de grãos da espiga, PMG: peso médio do grão, PIR: média de pontos de infecção na ráquis. Espigas inoculadas em 2013, na Embrapa Trigo.

² Posição da marca no cromossomo, em centimorgans.

Referências bibliográficas

- FERREIRA, J. R.; CAMILOTTI, G. A.; SOTO-GONZÁLES, H. H.; TURCHETTO, C.; CONSOLI, L.; TORRES, G. A. M.; DEUNER, C. C.; SCAGLIUSI, S. M. M.; FERNANDES, J. M. C. Identificação de QTLs associados com a resistência de trigo a *Magnaporthe oryzae*. In: MOSTRA DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA, 12.; MOSTRA DE PÓS-GRADUAÇÃO DA EMBRAPA TRIGO, 9., 2017, Passo Fundo. Resumos... Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2017. p. 50.
- HELGUERA, M.; KHAN, I. A.; KOLMER, J.; LIJAVETZKY, D.; ZHONG-QI, L.; DUBCOVSKY, J. PCR assays for the *Lr37-Yr17-Sr38* cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines. **Crop Science**, n. 43, p. 1839-1847, 2003.

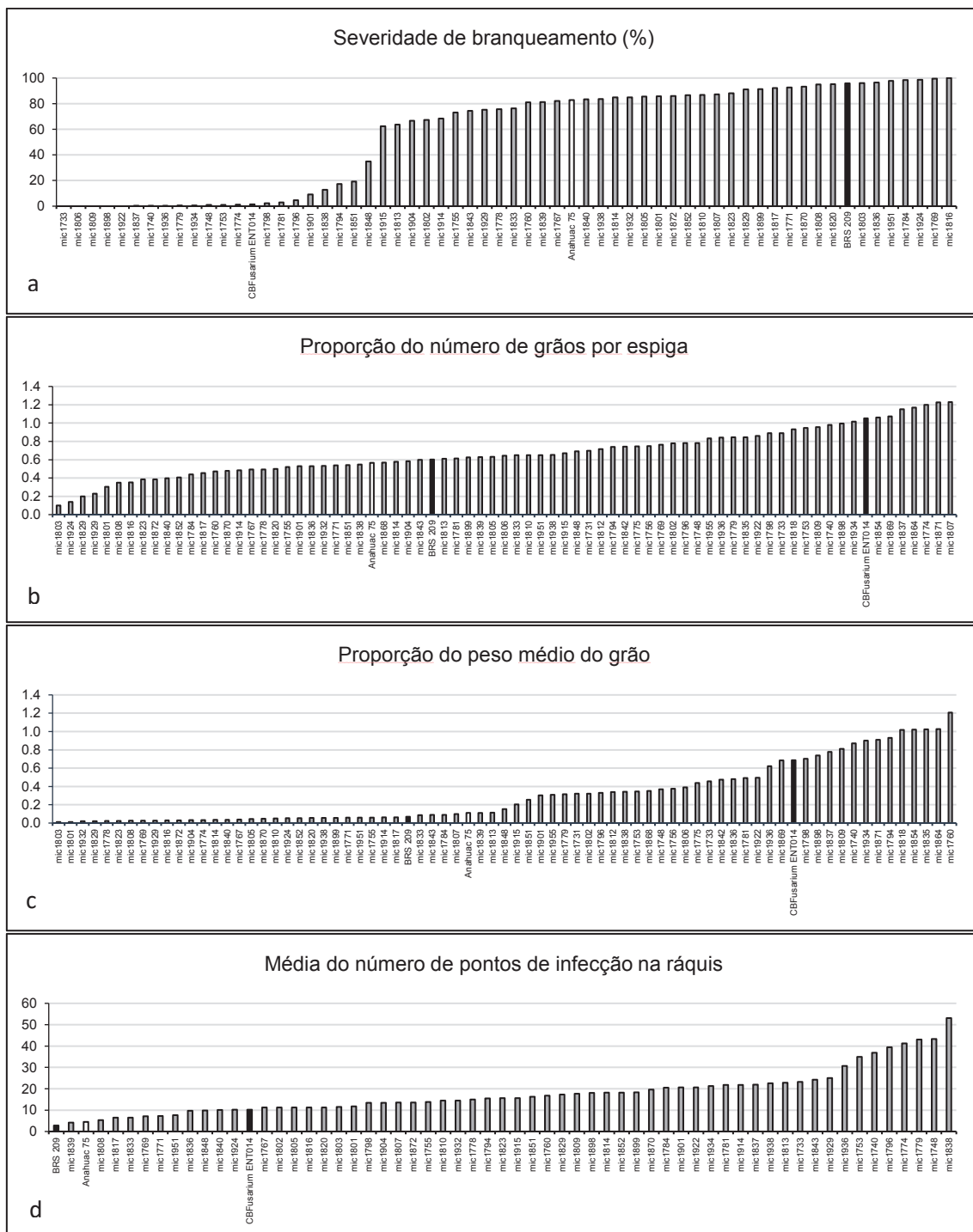


FIGURA 1. Avaliação de espigas de trigo após inoculação com *Magnaporthe oryzae*. Barra branca: Anahuac 75 (referência de alta suscetibilidade à brusone de acordo com a literatura); barras pretas: BRS 209 (genitor materno suscetível) e CBFusarium ENT014 (genitor paterno resistente); e barras cinzas: linhagens da população de mapeamento. Embrapa Trigo, Passo Fundo, 2013.