

Estudo Genômico Comparativo de Isolados Brasileiros *Magnaporthe oryzae* que causa a brusone que é a principal doença do arroz

Letícia de Maria Oliveira Mendes¹; Marta Cristina Corsi de Filippi²; Alexandre Siqueira Guedes Coelho³; Lúcia Vieira Hoffmann^{4*}; Leila Garcês de Araújo³

¹Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, UFG. ²Pesquisadora Embrapa Arroz e Feijão. ³Professor e pesquisador da UFG. ⁴Pesquisadora Embrapa Algodão. *leticiademaria02@gmail.com

O aumento da produção de arroz desempenha um papel importante na segurança alimentar. O Brasil tem se destacado como um dos principais produtores. No entanto, a brusone do arroz (*Magnaporthe oryzae*), tem causado perdas significativas. A adaptabilidade de *M. oryzae* ocorre por mutações que levam à instabilidade dos genes de avirulência, resultando no surgimento de novas raças que devastam as cultivares recém-lançadas. O objetivo deste estudo foi analisar a genômica de seis isolados brasileiros, de cultivares de arroz de terras altas e irrigadas. Foram sequenciados os isolados mais virulentos por inoculação nas séries diferenciadoras da Embrapa Arroz e Feijão, dos estados de MG, MT, SC, RS, TO e MA. Foi realizada a montagem *de novo* do genoma no software SPAdes, seguida pela comparação e alinhamentos dos contigs gerados ao genoma referência 70-15. Para avaliar a completude dos genomas e prever os genes, foram utilizados os softwares BUSCO e AUGUSTUS, respectivamente. A busca por genes únicos nos isolados foi realizada comparando-os com o genoma de referência, por meio de análises de similaridade utilizando o BLASTP. A avaliação de análise de completude dos genomas BRM63.294, BRM63.295, BRM11.219, BRM25.023, BRM25.027 e BRM25.033 apresentaram em média 1.664 genes completos (97,6%), sendo 1.661 de cópia única (97,4%), 3 duplicados (0,2%), 10 fragmentados (0,6%) e 35 ausentes (1,8%), totalizando 1.706 genes. O número total de genes para cada genoma variou de 10.232 a 10.374 genes. Dentre esses genes, foram identificados os genes de avirulência *Avr-Pita*, *Avr-Piz-t*, *Avr-Pi54* e *Avr-Pi9*. A análise comparativa revelou que o genoma 70-15 exibiu uma proporção de 1,6% de genes exclusivos em relação a outros isolados. O isolado BRM25.027 terras altas destacaram-se, apresentando um número significativamente maior de genes exclusivos em comparação com os demais. Além disso, o isolado BRM25.023 de terras altas também demonstrou uma quantidade considerável de genes exclusivos. Por outro lado, os isolados BRM63.294 de irrigado e BRM25.033 de irrigado exibiram proporções menores de genes exclusivos, com 0,35% e 0,59%, respectivamente. Esses resultados fornecem insights valiosos sobre a diversidade genética entre os isolados e podem ser fundamentais para novas perspectivas para o estudo de recursos genéticos de isolados de *M. oryzae* e também para a busca de novos genótipos resistentes à brusone.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; avirulência; diversidade genética.

Agradecimentos: UFG, Embrapa Arroz e Feijão e FAPEG.