

Genes de resistência a Brusone para a espécie *Triticum aestivum* e os marcadores moleculares relacionados

Marceli Raquel Burin^a, Gabriela Vianna^{b*}.

^a Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Regional Integrada do Ato Uruguai e das Missões. Av. Universidade das Missões, 464 - Universitário, Santo Ângelo - RS, 98802-470

^b Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Regional Integrada do Ato Uruguai e das Missões. Av. Universidade das Missões, 464 - Universitário, Santo Ângelo - RS, 98802-470

***Autor correspondente:** Marceli Raquel Burin, Graduanda em Ciências Biológicas Bacharelado. Brasil – RS, Santo Ângelo, Aliança, Rua Estilac Leal, Apto 44. E-mail: burinmarceli@gmail.com.

Data de submissão: 23-05-2022

Data de aceite: 19-07-2022

Data de publicação: 27-07-2022



10.51161/editoraime/108/56



RESUMO

Introdução: A espécie *Triticum aestivum*, conhecida popularmente como Trigo, é resultado de uma hibridização natural, englobando nela três genomas diferentes, o que lhe confere uma plasticidade genômica maior do que outras espécies de grãos com somente um genoma. Porém, mesmo assim, a cultura sofre muito com certos patógenos, como é o caso do fungo *Magnaporthe oryzae* que causa no trigo uma doença conhecida como Brusone. Atualmente, os programas de melhoramento não possuem variedades com boa resistência ao patógeno, bem como não há uma grande base de dados de genes relacionados a essa resistência.

Objetivo: Por este motivo, a seguinte pesquisa visou compilar tais genes e suas sequências flanqueadoras, a fim de aumentar o banco de dados e disseminar tais informações para que a comunidade científica possa incrementar novos genes em suas pesquisas, bem como visualizar através da revisão, a necessidade da delimitação de novos genes relacionados à resistência a brusone.

Material e Métodos: A pesquisa se deu por meio de uma revisão bibliográfica no banco de dados Google acadêmico e Pubmed. **Resultados:** Os resultados da pesquisa revelaram que poucos são os genes relacionados à resistência a brusone conhecidos atualmente, sendo os citados: Rmg1, Rmg2, Rmg3, Rmg4, Rmg5, Rmg6, Rmg7, Rmg8, RmgGR119, RmgTd(t), algumas QTLs, além da translocação cromossômica 2NS. Os marcadores flanqueadores dos genes citados encontrados na seguinte revisão foram os: AX94469326 e o Barc212 além do AX94396056 - wms296(3) e AX95202120 AX94396056.

Conclusão: Diante da falta de dados referentes ao assunto e da saturação dos genes conhecidos, a presente pesquisa destaca a necessidade de ampliar a base de dados de genes e marcadores moleculares relacionados, a fim de tornar o melhoramento genético mais eficiente, incorporando genes mais resistentes que ainda possam ser desconhecidos para a comunidade científica.

Palavras-chave: Brusone; Genes; Marcador molecular; QTLs; Trigo.

1 INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum*), espécie pertencente à família Poaceae e ao gênero *Triticum*, possui uma alta plasticidade genômica de adaptação, devido a sua origem de hibridizações naturais entre dois gêneros, tornando-o hexaplóide, com um genoma AABBDD (NIZOLLI, 2021). Porém, a domesticação e a pressão dos programas de melhoramento por cultivares mais geneticamente uniformes, além de outros motivos, tornaram o germoplasma da espécie, extremamente limitado.

Diversas doenças podem afetar o cultivo do vegetal e diminuir a produtividade do grão, sendo em sua maioria causadas por fungos, como a brusone (WEBBER, 2020). A brusone é uma doença causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae* também conhecido como *Pyricularia oryzae* que atinge alguns vegetais, incluindo o trigo. Sua infecção no tecido vegetal ocasiona o branqueamento da espiga, devido ao bloqueio do transporte de nutrientes afetando o enchimento de grãos (FERREIRA *et al.*, 2019). Em cultivares suscetíveis ao patógeno, a perda de produção na América do Sul costuma variar de 30% até mais de 70%. Considerando que tais patógenos estão em constante evolução, se diversificando geneticamente, o melhoramento genético de variedades vegetais deve ser contínuo, sendo considerado o método mais eficaz para conter as epidemias (BASEGGIO, 2021).

Apesar dos estudos genéticos dedicados a esta doença, atualmente não existem no mercado variedades com um bom nível de resistência à brusone (KOVALESKI, 2020), pois a maioria desses genes tendem a ser específicos a determinadas raças do patógeno. Outra forma de resistência é a parcial, que apesar de se mostrar mais durável e eficiente, envolve muitos genes, dificultando os estudos (NIZOLLI, 2021).

Segundo (CONTE, 2021) a resistência do trigo à brusone em sua maioria envolve muitos genes, além de existir uma interação gene-gene entre os genomas do patógeno e hospedeiro. Em seu artigo (KOVALESKI (2020) cita o entendimento de resistência genética de (PARLEVLIE (1997), sendo representada pela habilidade de uma planta de reprimir a infecção, prevenir-se ou retardá-la.

Os mecanismos de defesa das plantas resistentes aos patógenos, são controlados por genes de resistência (R) que são acionados por estímulos gerados pela expressão do gene (V) que confere avirulência ao patógeno. Portanto, um patógeno que possui o alelo de avirulência, (V) codifica uma molécula que será reconhecida por um receptor presente na planta que possui o alelo de resistência (R), e assim a associação não resultará em doença (BESPALHOK; GUERRA; OLIVEIRA, 2016).

Diante disso, percebe-se a necessidade de mais estudos tanto práticos como de revisão bibliográfica, voltados a conhecer melhor quais os genes envolvidos na resistência da planta contra a brusone, a fim de utilizá-los nos programas de melhoramento genético. Dessa forma, o presente trabalho buscou realizar uma revisão bibliográfica dos genes envolvidos no processo de resistência à brusone.

2 MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa trata-se de uma revisão da bibliográfica, descrevendo os genes relacionados a resistência à brusone para a espécie *Triticum aestivum* e seus marcadores moleculares mais utilizados. A questão norteadora para a realização da pesquisa foi: quais os genes conhecidos atualmente pela comunidade científica, que se encontram relacionados a resposta imunológica do trigo da espécie *Triticum aestivum* contra a doença fúngica conhecida como Brusone, e qual os marcadores moleculares que são utilizados em pesquisas biotecnológicas e em programas de melhoramento genético, para reconhecer se a planta possui essa sequência dentro de seu genoma.

O seguinte estudo foi elaborado a partir do método exploratório de artigos científicos, monografias e revistas presentes no banco de dados do Google Acadêmico entre os anos de 2016 e 2022, utilizando as palavras-chave: genes de resistência trigo brusone, QTL de resistência à brusone e pesquisas no site Pubmed com as palavras-chave: brusone, Rmg1, Rmg2, Rmg3, Rmg4, Rmg5, Rmg6, Rmg7, Rmg8 e RmgGR119.

Todos os artigos encontrados de todos os idiomas, incluindo artigos internacionais que se encaixavam neste período de tempo e que mencionavam no título as palavras-chave relacionadas com a espécie *Triticum aestivum* foram selecionados para leitura. Destes artigos selecionados inicialmente, foram escolhidos os que mais descreviam os genes de resistência e os fatores relacionados, como os marcadores flanqueadores, por meio de uma leitura total do documento. Os nove artigos selecionados na segunda fase, foram descritos nos resultados da seguinte pesquisa.

Os critérios de exclusão foram artigos fora das datas escolhidas para a revisão da literatura, que não mencionavam a espécie escolhida, as palavras – chave, ou os que mencionavam poucos dados sobre os genes.

3 RESULTADOS

Foram selecionados um total de nove artigos relacionados com os genes de resistência do trigo á brusone, QTL's de resistência à brusone e aos genes Rmg1, Rmg2, Rmg3, Rmg4, Rmg5, Rmg6, Rmg7, Rmg8 e RmgGR119. Todos os artigos selecionados foram lidos inteiramente.

Na literatura lida, o gene Rmg8, localizado no cromossomo 2B de trigos hexaplóides incluindo o *Triticum aestivum*, é conhecido por conferir resistência contra a brusone quando relacionado ao gene AVR Rmg8 que contém o alelo (V) presente no patógeno (ANH et al., 2017). Esta interação é considerada durável, pois o gene AVR Rmg8 não se encontra em uma região facilmente perdida pelo organismo, como no caso de regiões teloméricas, e assim é o único gene AVR que se mantém conservado em isolados de *Triticum*, por este motivo, (INOUE et.al., 2020) expõe a importância deste gene para os programas de melhoramento genético.

A genotipagem de populações do fungo da brusone e das variedades de trigo permitem dizer qual a interação que eles terão, já que o fungo que for genotipado contendo o alelo AVR- Rmg 8, possui o alelo V de virulência, ou seja, sintetiza a molécula que ao ligar-se com o receptor R de uma planta resistente, não causa a doença (BESPALHOK; GUERRA; OLIVEIRA, 2016). Porém estudos de Inoue et al., (2020), expõe a complexidade desta interação e levanta uma preocupação com recombinações futuras do genoma de isolados da brusone do trigo e isolados da brusone em aveia, onde o gene PWT4 presente em patótipos de aveia neutralizam a resistência causada pela interação AVR-Rmg8 e Rmg8 quando inseridos no genoma do patótipo do trigo, porém um caminho encontrado por ele, caso tal recombinação ocorra, é a introdução do Rmg8 em portadores do gene Rwt4 que segundo seus estudos bloquearia a neutralização do PWT4 diante Rmg8.

Desta forma, muitos pesquisadores buscam isolar novos genes relacionados à resistência do brusone no trigo, visto que estes são pouco conhecidos comparando a outras espécies como o arroz por exemplo. Atualmente a literatura científica, através destes estudos na área, conta com uma compilação de 350 QTLs de resistência à brusone no arroz (FERREIRA et al., 2019). Já para o trigo, conforme Conte (2021) descreve em seu estudo, há somente oito genes conhecidos atualmente relacionados a resistência à brusone, sendo eles, o Rmg8 do *Triticum aestivum*, e o Rmg7 do *Triticum durum*, localizado no cromossomo 2A, também associado ao mesmo gene de avirulência. Foram citados também os genes Rmg2 e Rmg3 dos cromossomos 7A e 6B respectivamente, da cultivar Thatcher, um trigo hexaplóide e os genes Rmg1 e Rmg6 do cromossomo 1D e Rmg4 e Rmg5.

Além disso, mais um segmento de cromossomo denominado de translocação 2NS introduzido de outra espécie do gênero *Aegilops* também foi relatado por (HORO et al., 2020) em seu artigo encontrado no Pubmed, que cita somente cinco genes de resistência associados ao fungo da brusone sendo eles, Rmg2, Rmg3, Rmg7, Rmg8 e RmgGR119, descobertos durante revisões bibliográficas do autor.

Já no estudo publicado por Vancini e colaboradores em 2019, relata haver 10 genes relacionados à resistência, mais a translocação cromossômica descrita anteriormente, localizada no braço curto do cromossomo 2A, relacionado ao sistema de defesa a diversos patógenos. Porém, (CONTE, 2021) em seus estudos encontrou 29 QTLs para a resistência à brusone, sendo os de maior significância o QTL 5 da fonte CBFusarium ENT016, o QTL 6 fonte CBFusarium ENT017, QTL 7 do CBFusarium ENT018, com os mesmos marcadores flanqueadores sendo eles o AX94469326 e o Barc212 e os QTLs 8 e 9 das fontes CBFusarium ENT019 e CBFusarium ENT020 com os marcadores flanqueadores AX94396056 - wms296(3) e AX95202120 AX94396056, respectivamente. Além do mais, o autor também ressalta a importância do cromossomo 2A para os programas de melhoramento genético do trigo contra a brusone, já que ambos os QTLs de maior significância estão localizados nele.

Conforme Nizolli relata em sua pesquisa de 2021, além do segmento cromossômico 2NS, mais 10 QTLs de resistência sendo eles: RmgTd(t) do trigo (*T. dicoccoides*) KU109 (Tat4),

Rmg1(Rwt4) do Norin4 (*T. aestivum*), Rmg2 no cromossomo 7A e Rmg3 no cromossomo 6B do trigo Thatcher (*T. aestivum*), Rmg4 também do trigo Norin4 e cromossomo 4A, Rmg5 do trigo Red Egyptian no cromossomo 6D, Rmg6(Rwt3) Norin4, Rmg7 do trigo (*Triticum dicoccum*), Rmg8 do trigo comum S-615 e RmgGR119 no trigo comum GR119. Já (WANG *et al.*, 2018) descreve que a presença dos genes Rmg8 e RmgGR119 juntos, determina ao trigo uma maior resistência à brusone, e ainda que tais genes já estão sendo incorporados em variedades por meio de retrocruzamentos.

Além disso, Wang e colaboradores (2018) descreveram no mesmo artigo citado acima, 4 genes de resistência à brusone, o Rmg2 e Rmg3, ambos na cultivar Thatcher, porém ineficazes em altas temperaturas, o gene Rmg7 do *Triticum dicoccum*, também ineficaz em altas temperaturas e Rmg8 na cultivar S-615 eficaz mesmo em altas temperaturas. O estudo também relatou a presença da translocação cromossômica 2NS de *Aegilops ventricosa* e descobriu em seus estudos com 520 variedades de trigo comum *T. aestivum*, um acesso que possui dois genes de resistência que combinados lhe conferiam uma resistência alta, são estes os genes Rmg8 e RmgGR119.

Com a descoberta de Inoue *et al.*, (2020) sobre o gene PWT4 de isolados de *Pyricularia oryzae* da aveia, se torna cada vez mais evidente a complexidade das interações entre os genes de resistência e os genes de avirulência dos patógenos, formando um sistema de resposta e defesa complexo e cheio de lacunas a serem estudados para a otimização dos programas de melhoramento a fim de obter uma nova variedade com maior resistência ao patógeno e assim introduzi-la no mercado. Assim como tal pesquisador, (HORO *et al.*, 2020) também expõe a necessidade de mais pesquisas visando identificar novos genes de resistência.

Para tal mais estudos com a inoculação dos isolados em variedades do *Triticum aestivum*, avaliação de severidade da doença, tempo de surgimento para os primeiros sintomas e acompanhamento do avanço destes, permite adquirir mais dados, para as análises moleculares dos genótipos mais resistentes ao isolado a fim de identificar quais os genes estão relacionados à característica fenotípica de resistência e menor agravamento da doença.

4 CONCLUSÃO

O trigo apresenta uma estrutura genômica diferenciada, devido a hibridizações que tornaram seu genoma hexaplóide. Isso também torna complexas as interações gênicas de resistência a certas doenças como a brusone, que afeta a qualidade e produtividade dos grãos. Uma das alternativas mais eficazes para diminuir os impactos causados por esta praga, é o melhoramento de variedades tornando-as mais resistentes ao patógeno, porém atualmente as sementes melhoradas disponíveis no mercado não possuem um bom parâmetro de resistência. Com isso, a biotecnologia busca novos genes relacionados a resistência da brusone no trigo, a fim de incrementá-los nos programas de melhoramento

obtendo assim variedades com alta resistência.

Por meio da presente revisão bibliográfica, tornou-se evidente a falta de informações referentes aos genes de resistência à brusone no trigo, destacando-se a necessidade de novas pesquisas relacionadas a este assunto, visto que as QTLs conhecidas são poucas, comparadas a outros vegetais como o arroz. Além disso, como o sistema de defesa da planta relacionada ao patógeno do brusone é complexo, envolvendo vários genes, alguns com efeito de bloqueio para outros, deve-se haver um estudo mais aprofundado visando conhecer como o sistema imunológico do trigo age contra a brusone, identificando mais genes envolvidos e mais marcadores flanqueadores, a fim de incrementar tais sequências nos programas de melhoramento, adaptando uma variedade de maior resistência.

REFERÊNCIAS

ANH, V. L et al. Rmg8 and Rmg7, wheat genes for resistance to the wheat blast fungus, recognize the same avirulence gene AVR-Rmg8. **Molecular Plant Pathology**, [s. l.], 2017. Disponível em: <<https://bsppjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/mpp.12609>>. Acesso em: 15 abr. 2022.

BASEGGIO, A. V. **Protocolos de avaliação da resistência do trigo (*Triticumaestivum* L.) à brusone e caracterização de genótipos em diferentes ambientes**. 2021. Dissertação (Mestre em Ciências, Área de Concentração Fitomelhoramento) - O Programa de Pós Graduação em Agronomia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas – RS, 2021. Disponível em: <http://www.repositorio.ufpel.edu.br/bitstream/prefix/8168/1/Dissertacao_Amanda_Valentini_Baseggio.pdf>. Acesso em: 16 abr. 2022.

BESPALHOK; GUERRA; OLIVEIRA. Melhoramento para Resistência a Doenças. **Bespa. agrarias.ufpr**, [s. l.], 2016. Disponível em: <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%2016.pdf>>. Acesso em: 11 abr. 2022.

CONTE, G. G. **Meta-análise de Locos de Caracteres Quantitativos (QTL) para resistência à *Magnaporthe oryzae* em trigo**. 2021. Dissertação (Mestre em Ciências) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração Fitomelhoramento, da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS, 2021. Disponível em: <http://www.repositorio.ufpel.edu.br/bitstream/prefix/7630/1/Giordano_Gelain_Conte.pdf>. Acesso em: 11 abr. 2022.

FERREIRA, J. R. et al. Base Genética da Resistência de Trigo á Brusone: Avanços via Estudos de Qtls. **ALICE - Embrapa**, [Passo Fundo, RS], 2019. Disponível em: <<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1110644/1/ID446212019RCBPTT2AtasResumos2018p299.pdf>>. Acesso em: 15 abr. 2022.

HORO, J. T. et al. Effectiveness of the Wheat Blast Resistance Gene Rmg8 in Bangladesh Suggested by Distribution of an AVR-Rmg8 Allele in the *Pyricularia oryzae* Population. **APS Publications**, [s. l.], 2020. Disponível em: <<https://apsjournals.apsnet.org/doi/10.1094/PHYTO-03-20-0073-R>>. Acesso em: 4 abr. 2022.

INOUE, Y. et al. Suppression of wheat blast resistance by an effector of *Pyricularia oryzae* is counteracted by a host specificity resistance gene in wheat. **New Phytologist**, [s. l.], 2020. Disponível em: <<https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/nph.16894>>. Acesso em: 12 abr. 2022.

KOVALESKI, M. **Resistência à brusone de genótipos de trigo e capacidade esporulativa de *Pyricularia oryzae***. 2020. Dissertação (Mestre em Agronomia) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo – RS, 2020. Disponível em: <<http://tede.upf.br/jspui/bitstream/tede/1936/2/2020MarcosKovaleski.pdf>>. Acesso em: 14 abr. 2022.

NIZOLLI, V. O. **Fenotipagem de Caracteres Associados à Resistência à Brusone no Trigo (*Triticum aestivum* L.) Brasileiro**. 2021. Dissertação (Mestre em Ciências (área de conhecimento: Fitomelhoramento) - Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS, 2021. Disponível em: <http://www.repositorio.ufpel.edu.br/bitstream/prefix/8183/1/Dissertacao_Valeria_Nizolli.pdf>. Acesso em: 14 abr. 2022.

VANCINI, C. et al. Marcadores moleculares associados à resistência genética de trigo à brusone. **Alice Embrapa**, Passo Fundo - RS, 2019. Disponível em: <<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1114717/1/ID447562019MICp55.pdf>>. Acesso em: 3 abr. 2022.

WANG, S. et al. A New Resistance Gene in Combination with Rmg8 Confers Strong Resistance Against *Triticum* Isolates of *Pyricularia oryzae* in a Common Wheat Landrace. **APS Publications**, [s. l.], 2018. Disponível em: <<https://apsjournals.apsnet.org/doi/10.1094/PHYTO-12-17-0400-R>>. Acesso em: 5 abr. 2022.

WEBBER, N. F. **Contribuição de fatores genéticos e agronômicos sobre a intensidade da brusone de trigo**. 2021. Dissertação (Mestre em Agronomia) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo - RS, 2020. Disponível em: <<http://tede.upf.br/jspui/bitstream/tede/2127/2/2021NataliaForchezatoWebber.pdf>>. Acesso em: 15 abr. 2022.