

CO-SEGREGAÇÃO DA POPULAÇÃO ENDOGÂMICA CALIFÓRNIA DARK RED KIDNEY x YOLANO ÀS RAÇAS 73 E 3481 DE *Colletotrichum lindemuthianum*

Gustavo Buziquia Dartibale (PIBIC/CNPq/FA/UEM), Maria Celeste
Gonçalves-Vidigal (Orientador), Alexandre Catto Calvi, Giseli Valentini,
Giselly Figueiredo Lacanallo, Vanet Batista de Souza, Pedro Soares Vidigal
Filho - e-mail: mcgvidigal@uem.br.

Universidade Estadual de Maringá/Centro de Ciências Agrárias/Maringá, PR.

Área e subárea do conhecimento: Agronomia, Fitotecnia, Melhoramento
de Plantas.

Palavras-chave: Antracnose, resistência genética, RILs.

Resumo

As populações endogâmias são de extrema importância para o processo de mapeamento de genes com herança monogênica e para caracteres quantitativos. Neste sentido, a população endogâmica California Dark Red Kidney (CDRK) x Yolano (CY), foi obtida pelo método de melhoramento SSD (Descendente de uma única semente) sendo composta por 107 linhagens na University of Davis Califórnia, Davis, CA, USA. Portanto o presente trabalho teve como objetivo avaliar a reação de resistência da população CDRK x Yolano às raças 73 e 3481 de *Colletotrichum lindemuthianum*. O trabalho foi conduzido no Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri), da Universidade Estadual de Maringá (UEM). A avaliação visual dos sintomas foi realizada de acordo com a escala de notas variando de 1 a 9, onde de 1 a 3 as plantas foram consideradas resistentes e de 4 a 9 consideradas suscetíveis. O estudo da população RIL CY com as raças 73 e 3481 de *C. lindemuthianum* a população RIL CY resultou em uma segregação de 1:1 (R:S), caracterizando assim uma herança monogênica, ou seja, apenas um gene conferindo resistência a essas raças. A co-segregação das RILs para às raças 73 e 3481 de *C. lindemuthianum*, permite concluir que é um mesmo gene dominante de resistência presente na cultivar CDRK que confere resistência à ambas raças.

Introdução

A antracnose do feijão comum, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, é uma das doenças de maior importância, pois pode ocasionar perdas de até 100% na produtividade quando em condições favoráveis ao desenvolvimento do patógeno. Um dos fatores que dificulta o controle dessa doença é a ampla variabilidade patogênica do *C. lindemuthianum*. Diante disso, a melhor forma para se buscar um controle

eficaz e duradouro da antracnose é a utilização de cultivares resistentes às raças que ocorrem com maior frequência em regiões produtoras do feijão comum.

As linhagens endogâmicas California Red Dark Kidney/Yolano - RILs (Figura 1) foram obtidas na University of Califórnia, Davis, utilizando o método SSD (*Single Seed Descent*). Esse método é realizado tomando-se uma única semente de cada indivíduo de uma geração para estabelecer a geração subsequente, avançado até a geração F₈. Cada planta F₈ obtida a partir de uma planta F₂ é considerada uma linhagem endogâmica recombinante (RIL). Cada RIL é uma linhagem endogamia recombinante a qual representa uma planta F₂, de tal forma que a variabilidade existente na população F₂ esta representada nas RIL's. Atualmente essa população encontra-se em F₁₀ (Johnson e Gepts, 1999).



Figura 1 - Genitores da população RIL CY.

Assim, o objetivo desse trabalho foi investigar a reação da população RIL derivada do cruzamento CDRK x Yolano quanto a reação de resistência a diferentes raças de *C. lindemuthianum*.

Material e métodos

O presente trabalho foi realizado no Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri), Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Paraná, no período de julho de 2017 a julho de 2018. Foram testadas as raças 73 e 3481 do *C. lindemuthianum* na população RIL CY, constituída por 107 linhagens, onde foi analisada a reação dessas raças.

O preparo do inóculo seguiu a metodologia proposta por Cárdenas et al. (1964) que consiste na multiplicação dos esporos de cada raça do *C. lindemuthianum* em tubos de ensaio contendo vagens (8 a 10 cm), parcialmente imersas (1 a 2 cm) em meio ágar-água esterilizadas em autoclave por 40 minutos a 120°C. Após a repicagem do isolado para as vagens, as mesmas foram incubadas por 14 dias a 22 ± 2°C, em câmara de crescimento (BOD), para esporulação do patógeno.

Dez sementes de cada RIL CY foram semeadas em bandejas plásticas contendo substrato a base de turfa autoclavado. As plântulas foram mantidas em condições de casa de vegetação até o desenvolvimento do primeiro trifólio. Decorrido este período, as bandejas contendo as plântulas foram transferidas para câmara úmida de crescimento de plantas, ambiente

climatizado com temperaturas de $20 \pm 2^\circ\text{C}$ e umidade relativa de aproximadamente 100%.

Decorrido o período necessário para o desenvolvimento do fungo, as vagens foram retiradas para dar origem a uma suspensão de esporos. Com a obtenção da solução, a inoculação de cada raça foi realizada separadamente em todas as linhagens. Esse processo foi realizado por meio de um atomizador De Vilbiss, adaptado com um reservatório para a suspensão de esporos, tanto na face abaxial quanto adaxial das folhas. Após a inoculação, as plantas foram mantidas em ambiente com alta umidade relativa ($> 95\%$) durante 72 horas a $20 \pm 2^\circ\text{C}$.

A avaliação visual dos sintomas em cada plântula foi realizada aproximadamente 10 dias após a inoculação, utilizando-se a escala de severidade proposta por Pastor-Corrales (1995), que variou de 1 a 9. Plantas que apresentaram notas de 1 a 3 foram consideradas resistentes e com notas de 4 a 9 foram consideradas suscetíveis.

Os testes do padrão da herança monogênica fenotípica de 1:1 das RILs CY às raças 73 e 3481 de *C. lindemuthianum* foram realizados por meio do teste Qui-quadrado (χ^2) utilizando-se o software computacional Genes (Cruz, 2013).

Resultados e Discussão

A Tabela 1 apresenta os resultados da reação das 107 RILs CY às raças 73 e 3481 do fungo causador da antracnose resultaram em 55 indivíduos resistentes e 52 suscetíveis ($\chi^2 = 0,084$; $p = 0,7718$). A segregação de 1:1 (R:S) nas 107 RIL's às duas raças indica que não houve distorção de segregação (alteração da estrutura genética) para resistência à antracnose, o que evidencia o potencial destas linhagens para o mapeamento genético de genes que condiciona resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum*.

Vale destacar que as 107 RIL's apresentaram similaridade no comportamento fenotípico, ou seja, as linhagens que foram resistentes para a raça 65 também apresentaram resistência para a raça 73. Similarmente, as plantas que foram suscetíveis para a raça 65, também foram suscetíveis para a raça 73. Percebe-se que houve co-segregação das RILs para às raças 73 e 3481 de *C. lindemuthianum*, permitindo concluir que é um mesmo gene dominante de resistência presente na cultivar CDRK que confere resistência à ambas raças.

Tabela 1 - Teste de herança nas linhagens derivadas do cruzamento CDRK x Yolano para a resistência às raças 73 e 3481

Raça	Notas		Segregação Observada		Segregação Esperada		χ^2	P valor
	CDRK	Yolano	R	S	R	S		
73	1	8	55	52	1	1	0,084	0,7718
3481	1	9	55	52	1	1	0,084	0,7718

Resistente (R) Suscetível (S)

Conclusões

O estudo da população RIL CY com as raças 73 e 3481 de *C. lindemuthianum* a população RIL CY, resultou em uma segregação de 1:1 (R:S), caracterizando assim uma herança monogênica, ou seja, apenas um gene conferindo resistência a essas raças. A co-segregação das RILs para às raças 73 e 3481 de *C. lindemuthianum*, permite concluir que é um mesmo gene dominante de resistência presente na cultivar CDRK que confere resistência à ambas raças

Diante dos resultados obtidos pode-se inferir que a cultivar andina CDRK possui um gene de resistência que pode ser usado como fonte de resistência em programas de melhoramento, tanto para cultivares de origem andina quanto cultivares de origem mesoamericana que são cultivados pelo mundo.

Agradecimentos

Agradecimentos ao CNPq e à Fundação Araucária pelo suporte financeiro ao desenvolvimento do Projeto, bem como pela Bolsa de Produtividade em Pesquisa 1B CNPq (MC Gonçalves-Vidigal).

Referências

CÁRDENAS, F.; ADAMS, M.W.; ANDERSEN, A. **The genetics system for reaction of field beans (*Phaseolus vulgaris* L.) to infection by three physiologic races of *Colletotrichum lindemuthianum*.** Euphytica, 13: 178-186, 1964.

CRUZ, C.D. **GENES** - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. Acta Scientiarum Agronomy, 35:271-276, 2013.

JOHNSON, W. C.; GEPTS, P. **Segregation for performance in recombinant inbred populations resulting from inter-gene pool crosses of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.).** Euphytica, 106:45–56, 1999.

PASTOR-CORRALES, M.A.; OTOYA, M.M.; MOLINA, A.; SINGH, S.P. **Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Middle America and Andean South America in different common bean races.** Plant Disease, 79: 63-67, 1995.