

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO QUANTO A SUSCETIBILIDADE À ESTRIA BACTERIANA CAUSADA PELO PATÓGENO *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*

Victor Hugo Garcia (FA), Carlos Alberto Scapim (Orientador), William Mário de Carvalho Nunes (Coorientador). E-mail: cascapim@uem.br.

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

Área e subárea do conhecimento: Ciências Agrárias/Fitotecnia.

Palavras-chave: Banco de Germoplasma; Doenças bacterianas; Resistência a Doenças; Variabilidade Genética.

RESUMO

O trabalho teve como objetivo avaliar a severidade da estria bacteriana, causada pelo patógeno *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*, de 25 genótipos de milho, a fim de determinar quais seriam suscetíveis ou tolerantes a doença. A pesquisa foi desenvolvida entre maio e julho de 2023, na Fazenda Experimental de Iguatemi-PR. Os tratamentos foram formados por 19 linhagens e seis híbridos comerciais. O delineamento experimental foi em blocos completos com os tratamentos ao acaso, contendo dez repetições. A unidade experimental consistiu em um vaso de 11L de polietileno contendo três plantas de milho, que foi conduzida até o estágio vegetativo V6. No experimento, cada planta recebeu aproximadamente 10 mL da solução com o concentrado bacteriano em 10^8 UFC mL⁻¹. As avaliações foram feitas em 5 vezes, de 7 a 19 dias após a inoculação. A severidade foi avaliada por meio de uma escala diagramática e posterior transformada em área abaixo da curva de progresso da doença. Para avaliação dos dados, foi realizada a análise de *deviance* com LRT e aplicação do teste de Qui-Quadrado. Posteriormente, foram calculadas as médias genotípicas a partir dos Blup's. Por meio dos resultados obtidos foram identificadas seis linhagens geneticamente tolerantes e uma suscetível, quando comparadas com as testemunhas comerciais. Estas linhagens tolerantes serão utilizadas para formar híbridos resistentes à estria bacteriana e estudos de herança.

INTRODUÇÃO

No que se refere às doenças que atuam sobre o milho, a estria bacteriana, causada pela bactéria *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*, tem-se destacado por estar presente em todas as principais regiões produtoras de milho do mundo, tais como Estados Unidos, Argentina e Brasil (Broders, 2017; Leite et al., 2018).

Diante da recém descoberta desta doença no Brasil e levando em consideração os níveis de incidência e severidade sobre o hospedeiro suscetível, os estudos são necessários, a fim de identificar genótipos que possam ser geneticamente tolerantes.

Em busca de explorar a suposta variabilidade genética para a resistência das linhagens de milho, este trabalho teve como objetivo geral avaliar a severidade da estria bacteriana de 25 genótipos de milhos presentes no banco de germoplasma da UEM.

MATERIAIS E MÉTODOS

A pesquisa foi desenvolvida entre os meses de maio a julho de 2023, na Fazenda experimental de Iguatemi-PR. Os tratamentos foram formados por 19 linhagens do banco de germoplasma da UEM e 6 híbridos comerciais (Tabela 1).

Tabela 1 - Linhagens de milho utilizadas no experimento.

Linhagem	Empresa de Origem	Material de origem
L01	Cimmyt	CML13-1
L09	Syngenta	AVANT14.HS
L18	Bayer	POP201192
L21	Dekalb	DKB35019H9
L51	Pioneer	30F3369H26
L64	Dekalb	DKB74736H17
L67	Syngenta	SPEED 81.H33
L91	Syngenta	FORT85H6
L128	Agrocere/Monsanto	AG8080H3
L148	Syngenta	STRIKE67
L155	Pioneer	30F98.74.H29.1-207
L157	Limagran	POP203.SG6015
L158	Pioneer	DAS422.80.H31
L166	Coodetec/Dow	CD30388.H4
L170	Agrocere/Monsanto	AG9090
L191	Coodetec	CD316.24.1.3
L203	Syngenta	FLASH21.H11
L235	Sementes Balu	HTMV18.5.2
L333	Agropastoril	AM997

O delineamento experimental foi em blocos completos com os tratamentos ao acaso, contendo dez repetições. A unidade experimental constituiu-se em um vaso de 11L de polietileno contendo três plantas de milho, que foi conduzida até o estágio vegetativo V6. O plantio das sementes foi feito a 2cm de profundidade no solo, sendo quatro sementes por vaso, contendo adubação de plantio de 5.8g de osmocote (14-14-14) por vaso. A estirpe da bactéria *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* utilizada foi a RL2 oriunda do Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR).

Após 20 dias da emergência, foi realizado o desbaste junto com a inoculação do patógeno por meio de pulverização com borrifadores, aplicando 10 mL da solução com o concentrado bacteriano em 10^8 UFC mL⁻¹ por planta no estágio V3 (Leite et al., 2018).

A metodologia adotada para a avaliação da severidade da doença foi baseada em uma escala diagramática desenvolvida por Robaina et al., 2020. No total, foram feitas 5 avaliações de severidade da doença espaçadas uma da outra em 3 dias, sendo a primeira feita com 7 dias após a inoculação, e a última, com 19 dias. O número de avaliações foi estabelecido considerando o intervalo de tempo entre 7 a 15 dias, que é o período médio relatado para o aparecimento dos sintomas e estabilização do progresso da doença (Leite et al., 2018).

Após análise da severidade da doença, com as medidas coletadas nas 5 avaliações, foi construída a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) calculada como sugerido por Shaner e Finney (1977), a fim de identificar os genótipos suscetíveis e tolerantes.

A avaliação da significância do fator dos genótipos (considerando efeito aleatório) foi realizada por meio da análise de deviance com LRT e posterior aplicação do teste de qui-quadrado. O software utilizado para as análises estatística foi o SELEGEN.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Houve diferenças significativas do fator genótipos, em nível de 5% de probabilidade. Isso significa que existe variabilidade genética entre os genótipos o que é bastante favorável para o programa de melhoramento genético. As médias genotípicas e os intervalos de confiança encontram-se na Tabela 2.

Tabela 2 – Médias genotípicas preditas (MG) e intervalos de confiança (LIIC-LSIC) calculados de acordo com os Blup's heterogêneos para a variável AACPD na concentração bacteriana de 10^8 UFC mL⁻¹.

Genótipos	MG (LIIC-LSIC)	Genótipos	MG (LIIC-LSIC)
L166	389,5 (372,1-406,8)	L191	120,7 (112,6-128,8)
AS1735=S	320,3 (305,5-335,0)	L67	108,3 (96,9-119,7)
L21	313,4 (297,8-329,1)	L158	93,0 (89,8-96,3)
L1	311,7 (295,9-327,4)	AS1844=T	57,6 (52,9-62,3)
DKB345=S	296,8 (275,5-318,1)	DKBB265=T	45,8 (40,1-51,6)
L148	269,2 (253,6-284,8)	L128	36,9 (31,8-42,1)
L155	265,9 (248,6-283,2)	L170	36,5 (30,2-42,7)
L51	259,6 (249,8-269,5)	IPR164=T	32,5 (29,3-36,7)
L64	222,9 (214,4-231,4)	L18	32,4 (28,5-36,3)
L157	218,5 (206,3-230,8)	L333	31,1 (26,7-35,5)
L91	198,7 (185,9-211,5)	L203	30,6 (26,0-35,2)
L9	185,0 (170,5-199,4)	L235	29,0 (24,5-33,5)
AS1777=S	125,1 (118,3-131,8)		
Acurácia		0,9786	

*Os genótipos designados como S são suscetíveis a estria bacteriana conforme informações fornecidas pelas respectivas empresas; os genótipos designados como T são tolerantes conforme informações fornecidas pelas respectivas empresas. LIIC = Limite Inferior do Intervalo de Confiança; LSIC = Limite Superior do Intervalo de Confiança

A L166 apresentou maior suscetibilidade ao patógeno, com maior média genotípicas. Por outro lado, as linhagens L128, L170, L18, L333, L203 e L235, apresentaram maior tolerância ao patógeno, não diferenciando do híbrido do mercado mais resistente nesse estudo.

Desse modo, as linhagens tolerantes serão cruzadas para formar híbridos resistentes e estudos de herança.

CONCLUSÃO

A linhagem 166 foi a mais suscetível à ação da estria bacteriana e as linhagens L128, L170, L18, L333, L203 e L235 foram as mais tolerantes.

AGRADECIMENTOS

À Fundação Araucária pelo financiamento do projeto de pesquisa, à Universidade Estadual de Maringá e ao meu orientador professor Carlos Alberto Scapim.

REFERÊNCIAS

ROBAINA, R. R.; LONGHI, T. V.; ZEFFA, D. M.; LEITE JR. R. P. Development of a protocol and a diagrammatic scale for quantification of bacterial leaf streak disease on young plants of maize. **Journal of Plant Disease**, v, 104, 2020. Issn 0191-2917

SHANER, G. & FINNEY, R.E. The effect of nitrogen fertilization in the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, 67, 1051-1056, 1977. <http://dx.doi.org/10.1094/Phyto-67-1051>

BRODERS, K. Status of bacterial leaf streak of corn in the United States. In: **Integrated Crop Management Conference**, Proceeding Iowa: ICM, 2017.

LEITE JR., R. P. et al. First report of the occurrence of bacterial leaf streak of corn caused by *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* in Brazil. **Plant Disease**, São Paulo, 2018.