

ANÁLISE DIALÉLICA DE LINHAGENS DE MILHO À ESTRIA BACTERIANA *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* – SAFRA 2023/2024

Guilherme Luiz Sagrilo (PIBIC/CNPq/FA/UEM), Carlos Alberto Scapim (Orientador).
E-mail: ra124444@uem.br.

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

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

Palavras-chave: Doenças bacterianas; Resistência à Doenças; Variabilidade Genética.

RESUMO

O milho, uma importante fonte de energia alimentar, enfrenta desafios de produtividade devido a doenças como a estria bacteriana, causada pelo patógeno *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*, que está crescendo no Estado do Paraná. Este estudo avaliou 25 genótipos de milho da UEM com objetivo de identificar a suscetibilidade e tolerância à doença, realizado na Fazenda Experimental de Iguatemi-PR entre maio e julho de 2024, com 19 linhagens e 6 híbridos comerciais. O delineamento experimental foi de blocos completos casualizados, com 10 repetições. A unidade experimental foi um vaso de 11 L com três plantas de milho, conduzidas até o estágio vegetativo V6. A inoculação foi feita com 10 mL de solução bacteriana por planta na concentração de 10^8 UFC mL⁻¹. As avaliações da severidade da doença ocorreram cinco vezes entre 7 e 19 dias após a inoculação, utilizando uma escala diagramática e a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). A análise estatística incluiu deviance com LRT e o teste de Qui-Quadrado, com as predições das médias genotípicas baseadas nos Blup's. As linhagens de milho L128, L21, L170 e L333 foram classificadas como tolerantes à estria bacteriana, apresentando as menores médias genotípicas de AACPD (4,0; 3,4; 2,5 e 2,3, respectivamente), que diferiram significativamente, a 5% de probabilidade, da testemunha mais resistente (AS1844), com média de 6,8. A linhagem L64, com média genotípica de AACPD de 78,6, foi a mais suscetível entre os materiais avaliados. Concluiu-se que as linhagens tolerantes poderão ser usadas no desenvolvimento de híbridos resistentes.

INTRODUÇÃO

Devido ao crescimento da população mundial, há uma necessidade crescente de aumentar a produção de alimentos. Programas de melhoramento buscam genótipos produtivos e adaptados, além de tolerantes a doenças. Assim, a disponibilidade de germoplasma com essas características é crucial para o sucesso desses programas. A estria bacteriana do milho, causada pela bactéria *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*, é um problema que afeta regiões como EUA, Argentina e Brasil (Leite et al., 2018). Seus sintomas iniciais são pequenas pontuações que evoluem para lesões alongadas e estreitas com halos amarelados e bordas onduladas (Leite et al., 2018). A avaliação da doença considera a incidência (presença ou ausência do patógeno) e a severidade (proporção do tecido infectado) que é quantificada pela escala diagramática utilizando representações ilustradas de folhas com os sinais das doenças em diferentes fases do desenvolvimento do patógeno. Essa técnica deve ser capaz de reproduzir níveis de severidade observáveis em campo, permitindo obter as estimativas dos danos em todas as fases da doença e diferentes estádios das plantas.

Dada a recente descoberta da doença no Brasil e os altos níveis de incidência e severidade, são necessários estudos para identificar genótipos geneticamente tolerantes. Deste modo, o objetivo geral deste trabalho foi avaliar a severidade da estria bacteriana em 25 genótipos de milho presentes no banco de germoplasma da UEM, procurando identificar as linhagens de milho mais resistentes à doença.

MATERIAIS E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada entre maio e julho de 2024 na Fazenda Experimental de Iguatemi-PR. Os tratamentos foram compostos por 19 linhagens do banco de germoplasma da UEM e 6 híbridos comerciais. O delineamento experimental foi em blocos completos com os tratamentos ao acaso, com dez repetições por tratamento. A unidade experimental consistiu em um vaso de 11L contendo três plantas de milho, que foram conduzidas até o estádio vegetativo V6.

A inoculação foi feita com 10 mL de solução bacteriana (10^8 UFC mL⁻¹) por planta. Vinte e quatro horas antes e após a inoculação, as plantas foram mantidas em uma câmara úmida para favorecer a penetração bacteriana. A severidade da doença foi avaliada com base em uma escala diagramática desenvolvida por Robaina et al. (2020), com cinco avaliações realizadas em intervalos de três dias, começando sete dias após a inoculação.

Após análise da severidade da doença, a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) foi construída para identificar os genótipos suscetíveis e tolerantes. Utilizou-se um modelo estatístico adotando os genótipos como um fator de efeito aleatório e os blocos de efeito fixo. A significância do fator genótipos foi avaliada por

meio da análise de deviance com LRT e teste de qui-quadrado, utilizando o software SELEGEN da EMBRAPA.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados indicaram diferenças significativas entre os genótipos em um nível de 5% de probabilidade, evidenciando a variabilidade genética entre eles, sendo favorável para o programa de melhoramento genético. A acurácia do experimento foi de 0,9782 indicando alta precisão experimental. As médias genotípicas e os intervalos de confiança estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 – Médias genotípicas preditas (MG) e intervalos de confiança (LIIC-LSIC) de acordo com os Blup's heterogêneos para a variável de área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) na concentração bacteriana de 10^8 UFC/mL.

| Genótipos | MG (LIIC-LSIC) |
|-----------------|------------------|
| L64 | 78,6 (73,1-84,1) |
| L1 | 54,1 (50,3-57,9) |
| L166 | 46,5 (43,7-49,4) |
| L191 | 30,0 (27,1-33,0) |
| L9 | 28,9 (25,8-31,9) |
| L155 | 28,8 (26,1-31,6) |
| L158 | 19,8 (18,0-21,7) |
| DKB345 = S | 17,3 (15,8-18,9) |
| AS1735 = S | 17,0 (16,0-18,0) |
| L148 | 16,0 (14,4-17,6) |
| L67 | 15,9 (14,3-17,5) |
| IPR164 = R | 15,5 (14,4-16,6) |
| L91 | 14,3 (12,8-16,1) |
| L51 | 9,3 (8,5-10,2) |
| DKB265 = R | 9,0 (7,8-10,2) |
| L18 | 8,3 (7,8-8,9) |
| L157 | 8,2 (7,5-8,9) |
| AS1777 = S | 7,5 (6,6-8,5) |
| L203 | 7,3 (6,5-8,1) |
| AS1844 = R | 6,8 (6,1-7,5) |
| L235 | 5,6 (5,0-6,2) |
| L128 | 4,0 (2,6-5,4) |
| L21 | 3,4 (2,1-4,7) |
| L170 | 2,5 (1,8-3,3) |
| L333 | 2,3 (1,7-2,8) |
| Acurácia | 0,9782 |

*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 linhagem 64 (Dekalb747) foi a mais suscetível à estria bacteriana, com a maior média genotípica de AACPD de 78,6, diferindo significativamente, a 5% de probabilidade, de todos os genótipos avaliados. Por outro lado, as linhagens de milho L128, L21, L170 e L333 foram classificadas como tolerantes à estria bacteriana, pois apresentaram as menores médias genotípicas de AACPD (4,0; 3,4; 2,5 e 2,3, respectivamente) que diferiram da testemunha mais resistente (AS1844), que apresentou uma média genotípica de AACPD de 6,8. As variações dos valores da AACPD indicam uma variabilidade genética entre os genótipos de milho estudados. Possivelmente, a doença pode ser governada por muitos genes, o que caracteriza uma herança poligênica. Do ponto de vista biológico, a existência de linhagens tolerantes e suscetíveis à estria bacteriana no milho, possivelmente, pode estar associada ao mecanismo de infecção do patógeno na planta.

Os resultados confirmaram a variabilidade genética entre os genótipos, permitindo a identificação de linhagens tolerantes que poderão ser utilizadas em programas de melhoramento em que serão cruzadas para formar híbridos resistentes à estria bacteriana e utilizadas em estudos de herança genética com os cruzamentos com as linhagens suscetíveis.

CONCLUSÃO

Existem evidências que há variabilidade genética entre os genótipos, conseqüentemente constata-se que as linhagens L128, L21, L170 e L333 foram as mais tolerantes à ação da estria bacteriana, enquanto a linhagem 64 foi a mais suscetível à ação da mesma.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao Prof. Dr. Carlos Alberto Scapim por sua orientação e ao CNPq e à Fundação Araucária pelo apoio.

REFERÊNCIAS

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.

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.