

ANÁLISE DIALÉLICA DE LINHAGENS DE MILHO À ESTRIA BACTERIANA *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* – SAFRA 3

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 destaca-se por seu alto valor energético, sendo excelente para atender a demanda global de alimentos. Contudo, sua produtividade é prejudicada por doenças. A estria bacteriana, causada pelo patógeno *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*, tornou-se um problema no Estado do Paraná. Este estudo avaliou 19 genótipos de milho do banco de germoplasma da UEM, visando identificar aqueles suscetíveis e tolerantes à doença. O experimento foi realizado na Fazenda Experimental de Iguatemi-PR, entre maio e julho de 2025, utilizando 14 linhagens e 5 híbridos comerciais. O delineamento experimental foi de blocos completos casualizados, com 10 repetições. A unidade experimental consistiu em 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. 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). Para avaliação dos dados, foi realizada a análise de variância e aplicação do teste de Scott-Knott. Duas linhagens (L203 e L333) foram classificadas como tolerantes à estria bacteriana, enquanto duas (L1 e L128) foram suscetíveis. As linhagens tolerantes servirão para o desenvolvimento de híbridos resistentes e estudos de herança genética.

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 sinais de doenças em diferentes estádios. Essa técnica deve ser capaz de reproduzir níveis de severidade observáveis em campo, permitindo estimar danos em todos os estádios da doença.

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 é avaliar a severidade da estria bacteriana em 19 genótipos de milho presentes no banco de germoplasma da UEM, explorando a variabilidade genética para resistência.

MATERIAIS E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada entre maio e julho de 2025 na Fazenda Experimental de Iguatemi-PR. Os tratamentos foram compostos por 14 linhagens do banco de germoplasma da UEM e 5 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 estágio 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 (Shaner e Finney, 1977).

A significância do fator genótipos foi avaliada por meio da análise de variância e posteriormente, aplicação do teste de agrupamento de Scott-Knott, utilizando o software RStudio.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados indicaram diferenças significativas entre os genótipos em um nível de 5% de probabilidade, o que evidencia as diferenças médias entre eles, sendo favorável para o programa de melhoramento genético. As médias estão apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1 - Médias estimadas para a variável de área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) na concentração bacteriana de 10^8 UFC mL⁻¹.

Genótipos	Médias - AACPD
L1	17,34 a
L128	15,60 a
L166	14,42 b
L21	13,11 b
L18	10,65 c
L170	10,62 c
DKB345 S	9,54 c
AS1777 S	9,41 c
L67	9,38 c
L148	9,03 c
L51	8,63 c
L157	8,59 c
L191	8,55 c
DKB265 T	8,30 c
L91	8,19 c
AS1844 T	6,88 d
IPR164 T	6,50 d
L203	5,93 d
L333	5,45 d

*Médias seguidas de mesma letra pertencem ao mesmo agrupamento de acordo com o teste de Scott-Knott. 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.

As linhagens 1 (CML13-1) e 128 (AG8080) foram as mais suscetíveis à estria bacteriana, com a maior média genotípica, enquanto as linhagens L203 (Syngenta) e L333 (Agropastoril) se destacaram como as mais tolerantes.

Os resultados confirmaram diferenças médias de AACPD entre os genótipos, possibilitando a identificação de linhagens tolerantes, as quais poderão ser incorporadas em programas de melhoramento, onde serão cruzadas para a formação de híbridos resistentes à estria bacteriana e empregadas em estudos de herança.

CONCLUSÕES

As linhagens 1 e 128 foram as mais suscetíveis à ação da estria bacteriana e as linhagens L203 e L333 as mais tolerantes.

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.

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>