

RESUMO DOS TRABALHOS / ABSTRACTS OF PAPERS

003 CARACTERIZAÇÃO DE SOLOS DE PERNAMBUCO QUANTO À SUPRESSIVIDADE A *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum*. Indira del C. M. Alvarado; Sami J. Michereff; Rosa L. R. Mariano; Adriano M. F. Silva; Clístenes W. A. Nascimento UFRPE, 52171-900, Recife/PE, E-mail: rmariano@truenet.com.br

A podridão-mole causada por *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum* (Pcc) é fator limitante para o cultivo de olerícolas no estado de Pernambuco. As características do solo e os fatores ambientais podem influenciar a população de Pcc e o desenvolvimento da doença. Este trabalho objetivou avaliar a taxa de extinção da população de Pcc em 24 amostras de solos de Pernambuco e analisar as características físicas, químicas e microbiológicas dos solos associadas com a supressividade ou condutividade ao patógeno. No estudo da influência dos solos na população de Pcc, utilizou-se mutante resistente a rifampicina (Pcc127^{Rif}), sendo calculada a taxa de extinção relativa da população (TERP) que variou de 0,0547 a 0,6327 log (UFC)/dia. Seis solos mostraram-se supressivos a Pcc127^{Rif} enquanto cinco evidenciaram condutividade. Os grupos de solos baseados na TERP de

Pcc127^{Rif} não apresentaram relação com os municípios de coleta, tipos de coberturas do solo na época da coleta ou classes texturais dos solos. Considerando-se todos os solos, não foram constatadas correlações significativas (P<0,05) entre a TERP de Pcc127^{Rif} e as características químicas, físicas e microbiológicas dos solos. Nos seis solos mais supressivos, a TERP de Pcc127^{Rif} se correlacionou significativamente com a densidade aparente do solo (r = 0,76), populações de bactérias totais (r = 0,82) e *Bacillus* (r = 0,80). A população de *Bacillus* se correlacionou com a densidade aparente, mas não com a população de bactérias totais. Nos cinco solos que se apresentaram mais conducentes houve correlação entre a TERP de Pcc127^{Rif} e a população de *Bacillus* (r = -0,86).

004 EXPRESSÃO ENZIMÁTICA DE DUAS ESPÉCIES DE *Trichoderma* EM MEIO DE INDUÇÃO CONTENDO QUITINA OU MICÉLIO DE *Sclerotinia sclerotiorum*. Danillo O. Alvarenga, Paulo R. Queiroz, Luzia H. C. Lima, Sueli C. M. Mello Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CP 02372, 70770-900, Brasília/DF, E-mail: danillo@cenargen.embrapa.br

O gênero *Trichoderma* apresenta organismos que podem atuar como micoparasitas de fungos fitopatogênicos. Esta interação é mediada por enzimas que hidrolisam os componentes da parede celular do hospedeiro, o que torna sua hifa fragilizada, resultando na sua morte. Desse modo, a caracterização enzimática favorece a seleção de linhagens de fungos antagonistas com potencial de biocontrole. Os objetivos deste trabalho foram analisar os padrões de expressão enzimática de duas espécies de *Trichoderma* e comparar duas fontes de carbono como indutoras de expressão de enzimas micolíticas. Suspensões de conídios de *T. asperellum* CEN201 e *T. harzianum* CEN241 foram inoculadas em meio completo. Após 48 h de crescimento a 28 °C a 150 rpm, a biomassa obtida foi transferida para meio salino acrescido de quitina ou micélio de *Sclerotinia sclerotiorum* como única fonte de carbono. Para as análises de cinética enzimática, em intervalos de 24h foram coletadas amostras por filtração a vácuo, por um período de 120h após o inóculo. Os extratos obtidos foram analisados quanto à produção

total de proteínas extracelulares e quanto à expressão de quitinases, N-acetilglicosaminidases, α -1,3-glucanases e proteases, sendo posteriormente submetidos à eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante. A dosagem enzimática não mostrou diferença significativa entre os extratos da mesma linhagem quando obtidos de crescimento em quitina ou em micélio de *S. sclerotiorum*. Contudo, a eletroforese mostrou diferentes padrões de bandas para uma mesma espécie quando crescida em diferentes fontes de carbono, o que pode ser resultante da liberação de proteínas extracelulares no meio de cultura estimuladas por outros componentes da parede celular do micélio do fitopatogêno. Os resultados obtidos indicam que a quitina presente na parede celular do hospedeiro pode estar relacionada com a expressão enzimática de hidrolases durante o processo de micoparasitismo, podendo haver, além daquelas enzimas tradicionalmente relatadas, a expressão de proteínas acessórias ao processo.

005 DETERMINAÇÃO DOS MECANISMOS DE ANTAGONISMO DE *Trichoderma asperellum* a *Sclerotium rolfsii* EM FEIJOEIRO. Danillo O. Alvarenga, Paulo R. Queiroz, Luzia H. C. Lima, Sueli C. M. Mello. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CP. 02372, 70770-900, Brasília/DF, E-mail: danillo@cenargen.embrapa.br

O gênero *Trichoderma* apresenta fungos que são amplamente utilizados no biocontrole de fungos fitopatogênicos. Entre as formas de inibição destes patógenos, podemos encontrar competição, micoparasitismo, antibiose e indução de resistência sobre a planta. Para determinação do mecanismo de antagonismo utilizado pela linhagem *T. asperellum* CEN201 para inibição de *Sclerotium rolfsii*, o fungo causador da podridão do colo do feijoeiro, realizou-se a sua comparação com *T. harzianum* CEN 241, uma linhagem de baixo antagonismo. Os fungos foram avaliados nos aspectos de crescimento micelial e esporulação em meio sólido, expressão de quitinases e N-acetilglicosaminidases em presença de quitina, expressão de celulases em presença de celulose e produção de antibióticos em meio líquido. Apesar de CEN241 ter apresentado maior velocidade de crescimento, não houve diferença significativa entre as duas linhagens quanto à produção de conídios. CEN201 apresentou menor capacidade de expressão de quitinases e N-acetilglicosaminidases,

enzimas diretamente relacionadas ao micoparasitismo. Pôde ser verificada uma baixa atividade celulolítica por ambos os fungos, o que geralmente significa uma baixa capacidade de competência rizosférica. Quanto à produção de antibióticos, observou-se uma alta capacidade de inibição de micélio de *S. rolfsii* e *Sclerotinia sclerotiorum* por filtrado de cultura líquida de CEN201, o que não foi observado para CEN241. Esta capacidade de inibição não foi correlacionada a uma maior liberação de proteínas extracelulares no meio de cultura. Não houve redução significativa do crescimento micelial de *Rhizoctonia solani*, *Fusarium* sp. e *Cylindrocladium* sp. por nenhum dos dois fungos. Com estes dados, pode-se concluir que a principal forma de inibição do desenvolvimento de *S. rolfsii* em feijoeiro por *T. asperellum* CEN201 é a antibiose, com a liberação de metabólitos não protéicos. Confirmado o potencial de inibição de *S. sclerotiorum* por CEN201, esta metodologia pode otimizar o processo de seleção de antagonistas, tornando-o mais barato e eficiente.