

DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE *Colletotrichum graminicola*, AGENTE CAUSAL DA ANTRACNOSE EM SORGO

CARLOS R. CASELA, ALEXANDRE S. FERREIRA & FREDOLINO G. SANTOS

Embrapa Milho e Sorgo, Caixa Postal 151, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG, fax: (031)779-1088,
e-mail: casela@cnpmc.embrapa.br

(Aceito para publicação em 10/11/1999)

Autor para correspondência: Carlos R. Casela

CASELA, C.R., FERREIRA, A.S. & SANTOS, F.G. Diversidade fenotípica de *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo. Fitopatologia Brasileira 25:95-97. 2000.

RESUMO

A diversidade fenotípica de três populações de *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo (*Sorghum bicolor*), e a influência da associação de virulência neste patógeno na perda desta diversidade foram analisadas em uma série diferencial formada por dez genótipos de sorgo. Isolados do patógeno foram obtidos de plantas infetadas de uma população hospedeira formada por uma mistura de dez genótipos de sorgo nas localidades de Sete Lagoas (MG), Pelotas (RS) e Jataí (GO). Foi avaliada a contribuição de cada genótipo da série diferencial na

obtenção de informações sobre a diversidade fenotípica, medida pelo índice de Shannon. As estimativas de diversidade fenotípica, para as três populações analisadas, foram de 3,07 em Sete Lagoas, 2,78 em Pelotas e 2,41 em Jataí. Grande parte das perdas na obtenção de informações sobre a diversidade fenotípica das três populações analisadas foi determinada pela associação de fatores de virulência no patógeno.

Palavras chave: *Sorghum bicolor*, variabilidade, virulência.

ABSTRACT

Phenotypic diversity in *Colletotrichum graminicola* the causal agent of anthracnose

The phenotypic diversity of three *Colletotrichum graminicola* populations of the causal agent of sorghum anthracnose, and the influence of virulence associations on the pathogen diversity were analyzed on a differential set of sorghum (*Sorghum bicolor*) genotypes. The pathogen isolates were obtained from a mixture of sorghum genotypes planted at three locations: Sete Lagoas (MG), Pelotas (RS),

and Jataí (GO). The contribution of each sorghum genotype to the phenotypic diversity was determined for each population. Shannon index estimates were 3,07 for Sete Lagoas, 2,78 for Pelotas, and 2.41 for Jataí. A large portion of information on the phenotypic diversity in the three populations analyzed was lost due to virulence associations in the pathogen population.

A resistência genética é a medida mais eficiente e econômica de se controlar a antracnose do sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench.] causada por [*Colletotrichum graminicola* (Ces.) Wilson], sendo esta estratégia, entretanto, dificultada pela alta variabilidade apresentada pelo patógeno como já demonstrado em trabalhos realizados no Brasil e no exterior (Cardwell *et al.*, 1989; Casela & Frederiksen, 1994). A análise da estrutura de virulência deste patógeno tem permitido a identificação de combinações de linhagens de sorgo para as quais a virulência não se encontra associada na população do patógeno. A formação de híbridos de sorgo entre estas linhagens tem sido uma alternativa para o desenvolvimento de resistência genética durável a *C. graminicola*. Entretanto, um alto grau de associação de fatores de virulência tem sido observado em populações destes patógenos as quais podem influenciar a durabilidade da resistência. (Casela *et al.*, 1998).

Informações sobre a dinâmica de alterações nos padrões de virulência na população de um patógeno são essenciais para o desenvolvimento de qualquer estratégia de utilização de resistência genética, na medida em que estas alterações influenciam a durabilidade da resistência (Groth & Roelfs, 1987a). Diferentes índices têm sido utilizados na caracterização da variabilidade fenotípica existente em populações de patógenos, tais como os índices de Gleason, de Shannon, de Simpsom e de Rogers (Groth & Roelfs, 1987b). O índice de Shannon apresenta a vantagem de estar linearmente relacionado ao número de cultivares diferenciadoras quando todas as virulências detectadas são polimórficas na população e estão na mesma frequência, ou seja na mesma proporção (Groth & Roelfs, 1987a).

Groth & Roelfs (1987a) identificaram duas características que podem determinar a perda de eficiência

de uma série diferencial em detectar diversidade: o grau de polimorfismo da virulência e a associação de genes de virulência no patógeno. Para uma determinada cultivar de uma série diferencial, o máximo de informações sobre a diversidade é obtido quando 50% dos isolados de uma amostra são virulentos a esta cultivar (frequência de virulência de 0,5) e quando os genes de virulência não estão associados entre si, ou seja, não há nenhuma influência de epistasia, alelismo, ou desequilíbrio de ligação. É possível, portanto, avaliar separadamente a eficiência de cada genótipo de uma série diferencial na detecção da diversidade populacional de um determinado patógeno.

Os objetivos deste trabalho foram avaliar a diversidade fenotípica de três populações de *C. graminicola* com base em uma série diferencial formada por dez cultivares de sorgo, e o impacto dos desvios resultantes da associação e da frequência de virulência no patógeno sobre a eficiência de cada genótipo desta série na detecção desta diversidade.

Isolados de *C. graminicola* foram obtidos de uma população formada por uma mistura, em partes iguais, de dez linhagens elites do programa de melhoramento de sorgo da Embrapa Milho e Sorgo (BR005, BR008, CMSXS136, BR009, BR501, SC112-14, Tx398, Tx2536, BR503 e SC748-5), semeadas em três localidades durante o mês de dezembro de 1995: Sete Lagoas (MG), Jataí (GO) e Pelotas (RS). A idéia por trás da formação desta mistura é permitir a expressão da diversidade do patógeno em relação aos genótipos da série diferencial, conforme já demonstrado em trabalho anterior (Casela, 1996).

A área utilizada para o plantio, em cada local, foi de 1000 m² e a amostragem foi realizada durante o mês de fevereiro de 1996. A área foi subdividida em segmentos de 100 m² e de cada segmento foram coletadas de cinco a seis plantas ao acaso. De cada planta coletada foi obtido um isolado monospórico num total de 50 isolados de cada local.

Os isolados do patógeno foram inoculados em uma série diferencial, composta pelos mesmos dez genótipos componentes da mistura utilizada para a amostragem em plantas com 28 dias de idade, utilizando-se uma concentração de inóculo de 10⁶ conídios/ml. Foram inoculados cerca de 10 ml de suspensão por vaso com cinco plantas. Após inoculadas, as plantas foram mantidas em câmara úmida durante 18 h, sendo em seguida transferidas para mesas no interior de casa de vegetação onde permaneceram até a época de avaliação a uma temperatura de 25-30 °C. Foram avaliados 46 isolados de Sete Lagoas, 46 de Pelotas e 45 de Jataí. O delineamento experimental utilizado em casa de vegetação foi o de blocos ao acaso com parcelas subdivididas em três repetições, com os isolados distribuídos nas parcelas e as cultivares nas subparcelas. Cada vaso com cinco plantas constituiu uma unidade experimental.

A avaliação foi realizada aos 12 dias após a inoculação, utilizando-se uma escala de notas com valores de 1 a 5, conforme Cardwell *et al.* (1989), sendo consideradas duas classes de reações: resistente (incluindo as notas 1, 2 e 3) e suscetível (incluindo as notas 4 e 5).

A diversidade fenotípica de *C. graminicola* foi medida através do índice de diversidade de Shannon (Groth & Roelfs, 1987a), de acordo com a fórmula:

$$D = \sum p_i \ln(p_i) \text{ onde:}$$

D = índice de Shannon e

p_i = frequência de determinado fenótipo ou raça do patógeno na população.

A influência da associação de genes de virulência no patógeno e dos desvios no grau de polimorfismo, na eficiência de cada genótipo da série diferencial na obtenção de informações sobre a diversidade fenotípica, foram determinados conforme procedimentos descritos em Groth & Roelfs (1987a).

Os índices de diversidade fenotípica obtidos com base nos dez genótipos da série diferencial foram 3,07 em Sete Lagoas, 2,78 em Pelotas e 2,41 em Jataí. Estes resultados estão de acordo com observações anteriores (Casela *et al.*, 1998) e refletem, provavelmente, uma resposta do patógeno à maior diversidade genética do hospedeiro dentro da área experimental da Embrapa Milho e Sorgo em Sete Lagoas. Maiores perdas de informações sobre a diversidade fenotípica geradas pelo índice de Shannon foram determinadas por desvios no grau de polimorfismo em relação à frequência ideal de 0,5 para virulência. Nas localidades de Pelotas e Jataí, por exemplo, observou-se uma maior perda no índice de Shannon determinada por desvio na frequência de virulência em relação ao genótipo BR501. Por outro lado, poucas perdas por associação de fatores de virulência foram observadas pela inclusão das cultivares BR005 e BR501 na análise (Tabela 1). Este fato é indicativo de que os fatores de virulência a estes genótipos não estavam associados nas três populações de *C. graminicola* analisadas.

Maiores perdas na obtenção de informações sobre a diversidade fenotípica de *C. graminicola* foram determinadas por desvios no grau de polimorfismo para virulência em relação à frequência ideal (0,5) do que pela associação de

TABELA 1 - Perdas nos valores do índice de Shannon pela ocorrência de associação dos fatores de virulência, resultantes da inclusão de cada cultivar de sorgo (*Sorghum bicolor*) em uma série diferencial formada por dez genótipos, nas regiões de Sete Lagoas (MG), Pelotas (RS) e Jataí (GO).

Cultivar	Perda no Índice de Shannon		
	Sete Lagoas	Pelotas	Jataí
BR008	0,00	0,00	0,00
BR005	0,13	0,02	0,07
BR501	0,01	0,01	0,05
SC112-14	0,09	0,06	0,36
Tx398	0,09	0,49	0,36
Tx2536	0,31	0,11	0,04
BR503	0,05	0,16	0,13
SC748-5	0,45	0,66	0,25
Perdas Totais	1,39	1,55	1,40

fatores de virulência no patógeno. Entretanto a associação de genes de virulência em *C. graminicola* determinou perdas totais de 1,39 em Sete Lagoas, 1,55 em Pelotas e 1,40 em Jataí (Tabela 1). Tais perdas representaram, respectivamente, 21,4%; 24,8% e 26,4% das perdas totais na informação gerada pelo índice de Shannon. A associação de genes de virulência é influenciada, provavelmente, pela predominância de reprodução assexuada na população deste patógeno e, conseqüentemente, pela ausência de recombinação genética entre os genes de virulência, situação também observada em relação a outros patógenos de reprodução predominantemente assexuada (Brown & Wolfe, 1995). A alta variabilidade observada em *C. graminicola* (Casela & *et al.*, 1994) indicam, entretanto, que a ausência de processos sexuais em populações naturais deste patógeno não representa, aparentemente, uma limitação à sua capacidade adaptativa. Esta observação é confirmada por trabalhos realizados com marcadores moleculares do tipo RFLPs em que a diversidade genética medida em populações de *C. graminicola* foi semelhante à obtida em populações de reprodução sexual de *Mycosphaerella graminicola* [(Fuckel) J. Schrot in Cohn] (Rosewich *et al.*, 1998).

Existem limitações à análise da diversidade fenotípica quando não se tem uma série diferencial formada por linhas isogênicas, uma vez que a associação de genes de resistência no hospedeiro poderá influenciar na perda de informações sobre a diversidade das populações analisadas (Groth & Roelfs, 1987b). Tais perdas devem ter ocorrido no presente trabalho, já que a série diferencial utilizada não é constituída por linhagens isogênicas. Apesar destas limitações, a análise da diversidade fenotípica, através do índice de Shannon, possibilitou a obtenção de informações a respeito da intensidade de associação de genes de virulência e de como esta associação pode influenciar na variabilidade e adaptabilidade de *C. graminicola*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BROWN, J. K. M. & WOLFE, M. S. Structure and evolution of a population of *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*. *Plant Pathology* 39: 376-390. 1990
- CARDWELL, K. F., HEPPELY, P. R. & FREDERIKSEN, R. A. Pathotypes of *Colletotrichum graminicola* and seed transmission of sorghum anthracnose. *Plant Disease* 73: 255- 257. 1989.
- CASELA, C. R. & FREDERIKSEN, R. A. Pathogenic variability in monoconidial isolates of the sorghum anthracnose fungus *Colletotrichum graminicola*, from a single lesion and from monoconidial cultures. *Fitopatologia Brasileira* 19: 149 -153. 1994.
- CASELA, C. R., FERREIRA, A. S. & BRANÇÃO, N. Variabilidade e estrutura de virulência em *Colletotrichum graminicola* em sorgo. *Fitopatologia Brasileira* 21: 357 - 361. 1996.
- CASELA, C. R., FERREIRA, A. S. & SANTOS, F. G. Associação de virulência de *Colletotrichum graminicola* à resistência genética em sorgo. *Fitopatologia Brasileira* 23: 143-146. 1998.
- GROTH, J. V. & ROELFS, A. P. Analysis of virulence diversity in populations of plant pathogens. In: M. S. Wolfe & C. E. Caten (Eds.). *Populations of Plant Pathogens. Their Dynamics and Genetics*. Blackwell Scientific Publications. Oxford. pp. 63-74. 1987a.
- GROTH, J. V. & ROELFS, A. P. The concept and measurement of phenotypic diversity in *Puccinia graminis* on wheat. *Phytopathology* 77: 1395-1399. 1987b.
- ROSEWICH, U. L., PETTWAY, R. E., McDONALD, B. A., DUNCAN, R. R., & FREDERIKSEN, R. A. Genetic structure and temporal dynamics of a *Colletotrichum graminicola* population in a sorghum disease nursery. *Phytopathology* 88: 1087-1093. 1998.