

Variabilidade em *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose, em misturas de genótipos de sorgo

CASELA, C.R.
2004



XXV Congresso Nacional de Milho e Sorgo - 29/08 a 02/09 de 2004 - Cuiabá - Mato Grosso

HENRIQUE M. VALÉRIO¹, CARLOS R. CASELA², MARIA A. RESENDE¹ e FREDOLINO G. SANTOS²

¹Instituto de Ciências Biológicas, UFMG, CEP 31270-901, Belo Horizonte, MG.

²Embrapa Milho e Sorgo, Caixa Postal 151, 35701-970, Sete Lagoas, MG.

Casela@cnpmis.embrapa.br

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*, doenças, virulência, diversidade.

INTRODUÇÃO

A antracnose, causada pelo patógeno *Colletotrichum graminicola* (Ces.) Wils. (Sin. *C. sublineolum* P. Henn) é a mais importante doença a afetar a cultura do sorgo no Brasil, podendo causar reduções significativas no rendimento em cultivares suscetíveis, quando em condições favoráveis à sua ocorrência e disseminação, caracterizadas por temperaturas elevadas e alta umidade relativa. A resistência genética, a principal estratégia para o controle desta doença, tem sido muitas vezes transitória devido à alta variabilidade presente em populações do patógeno (Ali & Warren, 1987; Casela et al., 2000). Uma possível alternativa para patógenos de alta variabilidade tem sido a diversificação da população do hospedeiro através do uso de misturas de cultivares ou multilinhas (Browning & Frey, 1969; Lannou & Mundt, 1996). Este trabalho relata resultados sobre a variabilidade de *Colletotrichum graminicola* desenvolvida em populações hospedeiras geneticamente diversas de sorgo, formadas pela combinação três a três de diferentes linhagens de sorgo.

MATERIAL E MÉTODOS

Nove linhagens de sorgo foram utilizadas neste estudo: CMSXS210, CMSSX112, CMSXS215, CMSXS221, CMSXS169, CMSXS180, CMSXS182, CMSXS227 e CMSXS116. Misturas e estandes puros de cada linhagem componente, num total de 25 tratamentos foram avaliados no campo para o desenvolvimento da antracnose sob condições de infecção natural. Misturas e estandes puros de cada linhagem foram semeados em um delineamento de blocos ao acaso com três repetições. Em uma das extremidades de cada bloco foi semeada uma parcela formada por fileiras de 1,0m de comprimento da linhagem suscetível BR009, para atuar como fonte de inóculo.

Foram realizadas avaliações de severidade de doença, iniciadas imediatamente após o aparecimento dos primeiros sintomas da doença no campo e continuadas em intervalos semanais. Utilizou-se a escala diagramática estabelecida por Sharma (1983). Foram também avaliadas, em cada tratamento, a diversidade e a complexidade das raças de *C. graminicola* desenvolvidas em resposta às diferentes misturas de genótipos. Foram obtidas culturas monospóricas de cada linhagem em seus estandes puros e nas suas respectivas misturas. Os isolados foram caracterizados quanto a sua virulência em casa de vegetação, utilizando-se como diferenciadoras as mesmas linhagens utilizadas para a composição das misturas. Os dados de percentagem de área foliar lesionada, obtidos para cada parcela, foram utilizados para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), utilizando-se o programa AACPD (Torres e Ventura, 1991).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

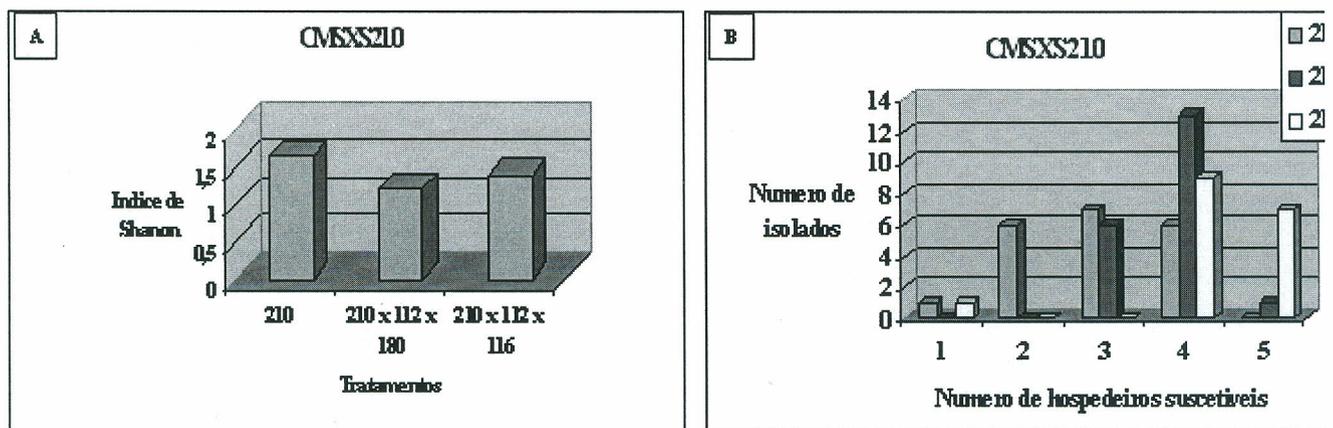
Baseado nas médias de AACPD, os 25 tratamentos foram divididos em três grupos: 1 – suscetíveis (tratamentos 2, 4, 18 e 24); 2 – intermediários (tratamentos 1, 3, 14, 16, 22) e; 3 – resistentes (tratamentos 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 17, 19, 20, 21, 23 e 25). O maior nível de resistência foi obtido pelo tratamento 15, combinação das linhagens CMSXS 210, CMSXS215 e CMSXS182 (Tabela 1). Observou-se uma redução na diversidade fenotípica e um aumento na frequência de raças de maior complexidade nas misturas avaliadas quando comparadas aos estandes puros de cada linhagem constituinte, como na linhagem CMSS210 em mistura com as linhagens CMSXS112 e CMSXS116 (Figura 1).

O desenvolvimento de raças complexas nas misturas avaliadas no presente trabalho coincidem com previsões feitas por Lannou & Mundt (1996) em seus modelos de evolução de patógenos em misturas de genótipos. O desenvolvimento de raças complexas de *C. graminicola* não resultou, entretanto, em redução na sua eficiência em reduzir a severidade de doença nas diferentes misturas avaliadas. Esta eficiência pode ter sido determinada por uma redução na capacidade competitiva das raças complexas desenvolvidas nas misturas, situação já demonstradas em estudos sobre competitividade de raças em misturas (Casela *et al.*, 2001).

Tabela 1. Area abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) em 18 misturas de genótipos de sorgo e em seus respectivos estandes puros em condições de infecção natural por *Colletotrichum graminicola*.

Tratamento (CMSXS)	AACPD	
02 ^A . 112	1725,97	a
04. 221	1289,17	b
18. 112 x 221 x 182	788,90	c
24. 112 x 221 x 116	627,43	cd
01. 21	413,00	de
16. 210	392,70	def
14. 210 x 112 x 182	385,70	def
03. 215	338,57	def
22. 210 x 221 x 116	324,33	def
06. 182	305,43	ef
20. 210 x 112 x 116	303,10	ef
07. 116	291,20	ef
12. 112 x 221 x 169	289,80	ef
23. 112 x 215 x 116	235,43	ef
17. 112 x 215 x 182	233,33	ef
25. 215 x 221 x 116	208,83	ef
19. 215 x 221 x 182	186,55	ef
10. 210 x 221 x 169	166,83	ef
09. 210 x 215 x 169	163,80	ef
08. 210 x 112 x 169	157,50	ef
11. 112 x 215 x 169	145,02	ef
13. 215 x 221 x 169	141,87	ef
21. 210 x 215 x 116	127,17	ef
05. 169	95,78	ef
15. 210 x 215 x 182	84,23	f
CV (%)	23	

Figura 1. Diversidade fenotípica (A) e complexidade (B) de *Colletotrichum graminicola* presente na linhagem CMSXS210 em estandes puros e mistura com as linhagens CMSXS112 E CMSXS116.



LITERATURA CITADA

- ALI, M. E. K.; WARREN, H. L. **Anthracnose of sorghum**. Proceedings, Sorghum and Millet Diseases: a Second World Review. De Milliano, W. A. J., Frederiksen, R. A. & Bengston, G. D. eds. Patancheru, A. P. 502324, India. International Crop Research Institute for the Semi-Arid Tropics. 1992. p. 203 – 208.
- BROWNING, J. A.; FREY, K. J. Multiline cultivars as a mean of disease control. **Annual Review of Phytopathology** v. 7, p. 355 – 382. 1969.
- CARDWELL, K. F.; COLLINS, S. D. & FREDERIKSEN, R. A. Dilatory resistance character of sorghum hybrids as measured by area under disease progress curve. *Biological and Cultural Tests* 3: 36. 1988.
- CASELA, C.R.; SANTOS, F.G.; FERREIRA, A.S. Associação de patogenicidade e diversidade fenotípica de *Colletotrichum graminicola* agente causal da antracnose em sorgo. **Fitopatologia Brasileira** v. 25, n. 3, p. 517 – 521. 2000.
- CASELA, C. R.; FERREIRA, A. S.; SANTOS, F. G. Differences in competitive ability among races of *Colletotrichum graminicola* in mixtures. **Fitopatologia Brasileira** v. 26, p. 217 – 219. 2001.
- LANNOU, C.; MUNDT, C. C. 1996. Evolution of a pathogen population in host mixtures: simple race-complex race competition. **Plant Pathology** v. 45, p. 440 – 453. 1996.
- SHARMA, H. C. A technique for identifying and rating resistance to foliar diseases of sorghum under field conditions. **Proc. Indian Acad. Sci. (Plant Sci.)** v. 92, n. 3, p. 271 – 278. 1983.
- TORRES, J.C.; VENTURA, J. A. Um programa para calcular a área e o volume abaixo da curva de progresso da doença. **Fitopatologia Brasileira** v. 16, p. 52, 1991.

