



XL CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA
Instituto Agrônomo - Campinas, SP
7 a 9 de Fevereiro de 2017

MESA REDONDA 6: RESISTÊNCIA GENÉTICA NO CONTROLE DE DOENÇAS

Esta mesa redonda visa discutir diferentes conceitos em melhoramento genético de plantas, para resistência a doenças, considerando-se a variabilidade fisiológica dos patógenos, evidenciando a importância da interação entre Melhoramento Genético e Fitopatologia.

Moderadora: Christina Dudienas (IAC/APTA/SAA)

Palestra 1: Variabilidade genética em fitopatógenos

Antonio Carlos Maringoni¹ e Margarida Fumiko Ito²

¹Faculdade de Ciências Agrônomicas, UNESP, Rua José Barbosa de Barros 1780, 18610-307 Botucatu, SP. maringoni@fca.unesp.br ²Instituto Agrônomo (IAC), Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Fitossanidade, Av. Barão de Itapura 1418, 13020-902 Campinas, SP. mfito@iac.sp.gov.br

Introdução

Variabilidade é a capacidade que um organismo possui em alterar suas características genéticas entre gerações. Tais alterações são herdáveis, expressas e favorecem a adaptação dos organismos no ambiente. O ambiente promove a pressão de seleção que favorece os indivíduos que sofreram alterações e há a formação de uma nova população adaptada a essas condições.

A fonte geradora de variabilidade entre os organismos é a mutação que permite a criação de novas seqüências nucleotídicas, como consequência novos genes. Esse processo ocorre em decorrência a erros de cópia no DNA (substituição, deleção, inserção, inversão e transposição) tanto na meiose (mutação germinal), quanto na mitose (mutação somática). A mutação germinal está presente em fungos e cromistas, que possuem reprodução sexuada e a mutação somática é observada em fungos mitospóricos e em bactérias, que apresentam reprodução assexuada. A probabilidade de um organismo ter mutação para um gem é de um indivíduo em um milhão ($1/10^6$) a um bilhão ($1/10^9$) na população.



XL CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA **Instituto Agrônomo - Campinas, SP**

7 a 9 de Fevereiro de 2017

Os mecanismos de variabilidade em fungo são recombinação sexual, recombinação parassexual e heterocariose e em bactérias são conjugação, transformação e transdução.

Conseqüências da variabilidade de fungos e bactérias fitopatogênicos

As principais conseqüências da variabilidade entre os fungos e as bactérias fitopatogênicos são: formae speciales (fungos), patovar (bactérias), raças patogênicas (fungos e bactérias), resistência a fungicidas (fungos) e antibióticos (bactérias), patogenicidade/virulência (fungos e bactérias).

Na cultura do feijoeiro são relatadas variabilidades nos principais patógenos, como *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, *Curtobacterium flaccunfaciens* pv. *flaccunfaciens*, *Colletorichum lindemuthianum*, *Pseudocercospora griseola*, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, dentre outros, que devem ser consideradas num programa de melhoramento genético, visando incorporação de resistência a patógenos.

BIBLIOGRAFIA CONSULTADA

AGRIOS, G. N. **Plant pathology**. 5 ed. Burlington: Elsevier Academic Press, 922p. 2005.

CAMARGO, L.E.A. Mecanismos de variabilidade genética de agentes fitopatogênicos. In: BERGAMIN FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIM, L. **Manual de fitopatologia**. 3.ed. São Paulo: Agronômica Ceres, v. 1, p.455-469. 1995.

GOTO, M. **Fundamentals of bacterial plant pathology**. 1 ed. San Diego: Academic Press, 341p. 1992.

Palestra 2: Melhoramento genético para o controle de doenças em feijoeiro

Alisson Fernando Chiorato



XL CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA
Instituto Agrônomo - Campinas, SP
7 a 9 de Fevereiro de 2017

Centro de Análise e Pesquisa Tecnológica do Agronegócio de Grãos e Fibras, Instituto Agrônomo (IAC). Avenida Barão de Itapura, 1481, Guanabara, 13020-902, Campinas, SP. afchiorato@iac.sp.gov.br

No programa de melhoramento genético de feijoeiro realizado no Instituto Agrônomo - IAC, várias estratégias de seleção tem sido estudadas visando o desenvolvimento de novas cultivares que apresentem resistência às principais doenças da cultura. Deste trabalho, a principal doença que tem sido estudada é a antracnose, causada pelo patógeno *Colletotrichum lindemuthianum*.

O patógeno caracteriza-se por apresentar uma grande variabilidade, sendo que esta variabilidade poderia dificultar a obtenção de cultivares resistentes ao patógeno, o que não ocorre devido à existência de genes específicos que conferem resistência às diferentes raças desse patógeno. Muitos dos genes encontrados são um meio eficiente e econômico de controlar a doença, como o gene *Co-1*, encontrado na variedade White Marrow Bean, o *Co-2*, encontrado na linhagem Cornell 49-242, os genes *Co-3*, *Co-4* e *Co-5* presentes nas variedades Mex 222, To e Tu, respectivamente.

O programa de melhoramento do IAC busca incorporar resistência às raças fisiológicas da antracnose de maior ocorrência no Estado de São Paulo. Para isto, nos últimos anos foram classificados 51 isolados do patógeno que resultou na identificação de 10 diferentes raças fisiológica, sendo elas: 4, 38, 55, 65, 73, 81, 83, 85, 321 e 351, com destaque para as raças 65 e 81, que apresentaram uma frequência de 37,25 e 35,29%, respectivamente (RIBEIRO et al., 2016).

De posse destas informações sobre a variabilidade do patógeno, o programa visa identificar genótipos que apresentem genes de resistência para estas raças fisiológicas (fontes de resistência) que são recombinados com outros genótipos que apresentam características de interesse agrônomo. Atualmente, em blocos de cruzamentos, o programa procura utilizar cultivares que estão há um longo tempo no mercado e que ainda não apresentaram quebra de resistência. As cultivares IAC Una de tegumento preto e IAC Carioca Eté de tegumento carioca são exemplos deste trabalho. Posteriormente, em gerações mais avançadas, deve-se conhecer quais genes de resistência foram herdados. Para a identificação dos genes são utilizadas análises moleculares que facilitam a identificação e otimizam o número de genótipos a serem avaliados (BERALDO et al., 2009).



XL CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA Instituto Agrônomo - Campinas, SP

7 a 9 de Fevereiro de 2017

Após identificação dos genes por análises moleculares, os resultados são comprovados por meio de inoculações artificiais, para cada raça específica e em ambientes controlados. Com a identificação das linhagens superiores, portadoras de um ou mais genes de resistência à antracnose, ocorre à avaliação dos genótipos em ensaios de VCU (Valor de Cultivo e Uso). Linhagens resistentes que apresentam superioridade às testemunhas em relação ao potencial produtivo, qualidade grão e porte ereto são recomendadas ao setor produtivo (CHIORATO et al., 2015).

Como resultados deste trabalho, desde o ano de 2012, vale ressaltar o lançamento das cultivares IAC Imperador, IAC Milênio e IAC Sintonia de tegumento carioca, as cultivares IAC Diplomata e IAC Netuno de tegumento preto e as cultivares IAC Nuance e IAC Tigre de tegumento rajado. Todas estas cultivares apresentam resistência para as raças fisiológicas 65 e 81da antracnose, sendo consideradas as mais disseminadas no estado de São Paulo (RIBEIRO et al., 2016).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BERALDO, A.L.A; COLOMBO, C.A.; CHIORATO, A.F.; ITO, M.F.; CARBONELL, S.A.M. Aplicação de Marcadores SCARS para Seleção de Linhagens Resistentes à Antracnose em Feijoeiro. **Bragantia** (São Paulo, SP. Impresso), v. 68, p. 53-61. 2009.

CHIORATO, A.F.; CARBONELL, S.A.M.; BOSETTI, F.; SASSERON, G.R.; LOPES, R.L.T.; AZEVEDO, C.V.G. Common bean genotypes for agronomic and market-related traits in VCU trials. **Scientia Agricola**. Piracicaba, v. 72, p. 34-40. 2015.

RIBEIRO, T.; ESTEVES, J.A.; SILVA, D.A.; GONÇALVES, J.G.R.; CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F. Classification of *Colletotrichum lindemuthianum* races in differential cultivars of common bean. **Acta Scientiarum**. Maringa, v. 38, n.2, p. 179-184. 2016.

Palestra 3: Melhoramento genético para o controle de doenças na cultura do milho

Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani



XL CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA
Instituto Agronômico - Campinas, SP
7 a 9 de Fevereiro de 2017

Instituto Agronômico, Av. Barão de Itapura, 1481, 13020-902 Campinas, SP.
elisa@iac.sp.gov.br

A cultura do milho (*Zea mays* L.) está exposta a um grande número de fatores bióticos e abióticos adversos. Nas duas últimas décadas, houve um aumento expressivo no nível de doenças, principalmente as foliares: mancha de *Phaeosphaeria* (*P. maydis*), queima de turcicum (*Exserohilum turcicum*), ferrugens comum, polissora e tropical (*Puccinia sorghi*, *P. polysora* e *Physopella zae*, respectivamente), além dos enfezamentos, das podridões de colmo e da espiga. Este fato é decorrência do aumento da área cultivada com milho e da expansão da cultura de segunda época (Safrinha), principalmente no Centro-Oeste do país. Uma maior manutenção dos patógenos, agentes causais das doenças, vem sendo propiciada pela constante presença da cultura no campo, pela grande flexibilidade de épocas de plantio e pela má utilização de tecnologias.

As medidas de controle de doenças são: rotação de culturas, manejo de solo e da cultura adequados (época de plantio, densidade de semeadura, controle de plantas daninhas, adubação, irrigação, colheita), levando a uma maior produtividade com melhor qualidade dos grãos.

A medida mais eficiente, no entanto, é a utilização de cultivares resistentes às doenças.

Os tipos de resistência a doenças podem ser: **a) Resistência baseada no modo de herança:** A resistência **monogênica** (qualitativa) é governada por um gene, claramente definida, pouco influenciada pelo ambiente, apresenta distribuição em classes fenotípicas distintas; a resistência **poligênica** (quantitativa) é conferida por muitos genes, muito influenciada pelo ambiente e apresenta distribuição contínua. **b) Resistência em termos epidemiológicos:** **Resistência vertical** é o termo usado quando uma variedade é mais resistente a algumas raças do patógeno do que a outras. Implica numa interação diferencial entre variedades do hospedeiro e raças do patógeno e é controlada por um ou poucos genes. **Resistência horizontal** é o termo usado quando uma variedade é resistente a todas as raças do patógeno. Implica em ausência de interação diferencial. É geralmente poligênica, ou seja, controlada por muitos genes de pequena ação isoladamente.



XL CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA **Instituto Agrônomo - Campinas, SP**

7 a 9 de Fevereiro de 2017

As principais doenças foliares do milho têm herança comprovadamente quantitativa, determinada por diversos genes com diferentes proporções de efeitos de aditividade e dominância; portanto a resistência das cultivares é do tipo horizontal.

O planejamento de programas de melhoramento visando resistência a doenças baseia-se inicialmente na utilização de fontes de resistência. Tais fontes podem estar presentes em variedades locais, cultivares comerciais estrangeiras, variedades antigas, em formas selvagens da mesma espécie, espécies aparentadas ou mesmo em diferentes gêneros. Centros primários ou secundários de diversidade, bancos de germoplasma de centros internacionais e coleções ativas são importantes reservas gênicas. No caso do milho, onde a variabilidade genética é grande, há a possibilidade de se encontrar fontes de resistência nos próprios híbridos comerciais convencionais.

O “Screening” pode ser efetuado por inoculação do patógeno sob condições controladas ou realizado sob condições naturais de campo, porém, exige-se que locais ou épocas de ocorrência das doenças sejam cuidadosamente escolhidos para se realizar a seleção das plantas. Um método comum para gerar uma epidemia em condições de campo é o plantio intercalar de genótipos ou de bordaduras suscetíveis, que podem ser inoculados.

O melhoramento para resistência a doenças não difere fundamentalmente do melhoramento para outros caracteres. Considerando-se o melhoramento convencional de milho visando às características quantitativas, os métodos mais comuns são: a) Seleção Massal, na qual plantas individuais são selecionadas para resistência em uma população heterogênea de plantas. Nas plantas selecionadas são permitidas polinizações ao acaso para produzir sementes para a próxima geração; b) Seleção Recorrente: processo cíclico de seleção, visando ao aumento da frequência de alelos favoráveis, mantendo nível satisfatório de variabilidade genética para posterior seleção. O objetivo é alcançar elevadas proporções de plantas resistentes em cada geração, para seleção e recombinação. A seleção recorrente é o mais eficiente método para acumular genes quantitativos de resistência. Linhagens obtidas a partir de populações no programa de seleção recorrente podem ser usadas para produzir híbridos ou variedades sintéticas. O método do Retrocruzamento pode ser utilizado para incorporação das fontes de resistência em linhagens-elite.

A síntese de compostos com níveis elevados de resistência também são importantes ferramentas para o melhorista de milho.



XL CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA **Instituto Agrônomo - Campinas, SP**

7 a 9 de Fevereiro de 2017

Em empresas privadas o melhoramento de populações como seleção recorrente e introdução gradual de material exótico é fundamental, porém de difícil continuidade. Em programas de híbridos, as linhagens e híbridos devem ser extensivamente avaliados sob condições específicas favoráveis ao desenvolvimento de doenças.

Os métodos de avaliação de doenças podem considerar a Incidência (porcentagem de plantas doentes em uma amostra ou população) ou a Severidade (porcentagem da área coberta por sintomas). A severidade é mais apropriada para quantificar doenças foliares e o melhor método de avaliação são as escalas diagramáticas, representações ilustradas de uma série de plantas com sintomas em diferentes níveis de severidade.

Quanto a novas perspectivas para o melhoramento visando à resistência a doenças, pode-se considerar a tecnologia do DNA recombinante, uma das maiores descobertas no final do século XX, com o uso cada vez maior de plantas modificadas geneticamente, contendo genes produtores de inseticidas e fungicidas para controle de insetos-praga e patógenos.

A técnica de mapeamento de QTLs (Quantitative Trait Loci) de resistência e de Seleção Genômica Ampla (GWS) por meio de marcadores enzimáticos e moleculares têm permitido o conhecimento dos genes envolvidos na resistência de plantas. O melhoramento assistido por marcadores moleculares tem sido uma ferramenta valiosa na incorporação de genes de resistência, no auxílio na avaliação de doenças com reações de difícil interpretação devido a interações do genótipo com o ambiente e na construção de sintéticos em programa de melhoramento de milho. Novos estudos englobam a construção de genes para bloquear enzimas que são naturalmente produzidas por plantas resistentes e suscetíveis.