

# Progresso da cercosporiose em diferentes genótipos de beterraba

Leandro Luiz Marcuzzo<sup>1</sup>, Tatiana da Silva Duarte<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto Federal Catarinense – IFC/Campus Rio do Sul, CP 441, CEP 89.163-356, Rio do Sul-SC, Brasil. <sup>2</sup>Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS, Faculdade de Agronomia, Departamento de horticultura e silvicultura, CP 15.100, CEP 91540-000, Porto Alegre-RS, Brasil.

Autor para correspondência: Leandro Luiz Marcuzzo (leandro.marcuzzo@ifc.edu.br)

Data de chegada: 11/02/2019. Aceito para publicação em: 19/12/2019.

10.1590/0100-5405/219773

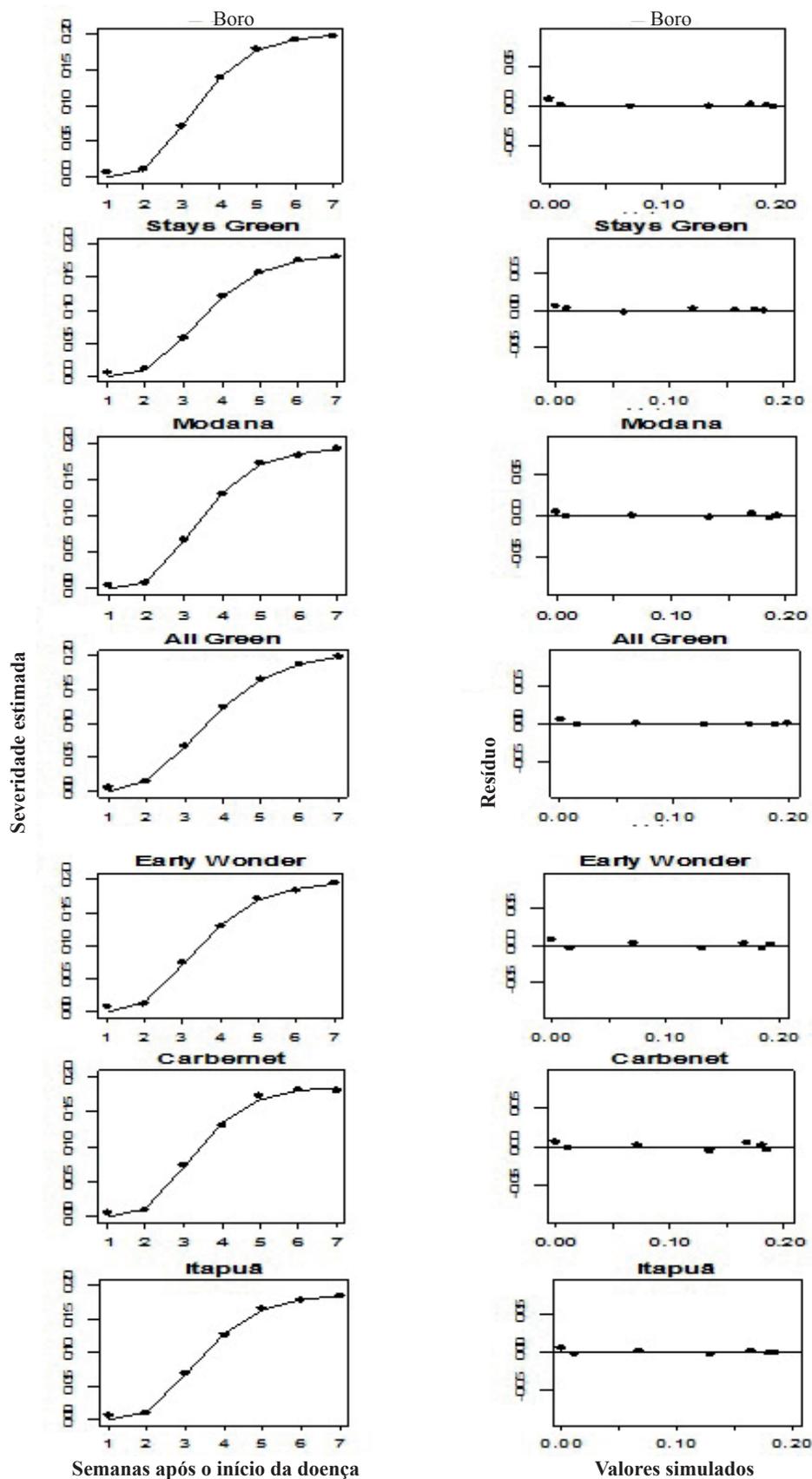
A cercosporiose da beterraba causado por *Cercospora beticola* Saac. é a principal doença da cultura por causar a destruição a área foliar e redução na produção (5). Sua ocorrência generalizada pode representar redução de 15% a 45% a produtividade, em condições de alta umidade relativa do ar, maior que 90%, e temperatura entre 22 e 26°C (10). Os sintomas são manchas circulares com bordos de cor púrpura e centro claro e, à medida que aumentam, tornam-se com tonalidade acinzentadas. A necrose do tecido lesionado cai e a folha torna-se perfurada (7). O uso de genótipos resistentes é uma das formas de manejo dessa doença, porém é necessária a avaliação do comportamento temporal da doença entre genótipos. Entre as formas de caracterizar o crescimento temporal de epidemias, a curva de progresso temporal é a que melhor representa uma epidemia. A interpretação do formato dessas curvas e seus componentes, como a taxa e a severidade final podem ser usadas para determinar o progresso da doença em genótipos (2, 3). O objetivo deste trabalho foi caracterizar o progresso temporal da cercosporiose em diferentes genótipos de beterraba. O experimento foi conduzido entre 30 de novembro de 2012 a 20 de fevereiro de 2013 na Epagri/Estação Experimental de Ituporanga, localizada no município de Ituporanga, região do Alto Vale do Itajaí em Santa Catarina. As coordenadas geográficas são de latitude de 27°38'S, longitude de 49°60'W e altitude de 475 metros acima do nível do mar. Utilizaram-se sete diferentes genótipos de beterraba, os mais utilizados pelos agricultores na região, para caracterização do progresso da cercosporiose: All Green, Stays Green, Early Wonder Tall Top, Cabernet (híbrido), Boro (híbrido), Modana (monogérmica) e Itapuã. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com quatro repetições. A semeadura foi realizada manualmente,

sendo que cada unidade experimental continha 2,25 m<sup>2</sup> (1,5m x 1,5m), dividida em 5 linhas com espaçamento de 30 cm entre linhas e 10 cm entre plantas, contendo um total de 75 plantas. O inóculo do patógeno proveniente da disseminação pelo vento, de plantas com sintomas da doença em outro experimento conduzido na mesma área e semanalmente, após a semeadura, foi avaliada a severidade da cercosporiose nas folhas expandidas em dez plantas demarcadas aleatoriamente com auxílio de escala diagramática proposta por May de Mío et al. (8) a intervalos regulares de sete dias. A colheita das plantas demarcadas foi realizada quando as plantas atingiram um período de 82 dias após a semeadura, tendo as raízes sido pesadas e posteriormente convertidas para produtividade em Kilogramas por hectare (Kg.ha<sup>-1</sup>). Modelos não lineares, comumente usados para representar crescimento de epidemias como o Logístico e o de Gompertz foram usados para ajuste com os dados observados utilizando o software R versão 2.15.1(9). Os critérios estabelecidos para comparação dos modelos, em função da qualidade do ajustamento dos dados foram: a) erro padrão da estimativa; b) estabilidade dos parâmetros; c) erro padrão dos resíduos; d) visualização da distribuição dos resíduos ao longo do tempo e e) pseudo R<sup>2</sup>. Os dados da taxa e da produtividade (Kg.ha<sup>-1</sup>) foram submetidos à análise estatística ao nível de 5% pelo software estatístico SASM-Agri (4) para avaliar os efeitos entre os genótipos. O modelo de Gompertz expresso por  $y = y_{max} * (\exp(-\ln(y_0/y_{max}) * \exp(-r * x)))$ , onde y: severidade estimada final (% de severidade/100); y<sub>max</sub>: severidade máxima de doença/100; ln(y<sub>0</sub>/y<sub>max</sub>) refere-se a função de proporção da doença na primeira observação; r: taxa, x o tempo em semanas após o início da doença foi escolhido para representar o progresso da cercosporiose na avaliação dos genótipos de beterraba (Tabela 1). Possivelmente

**Tabela 1.** Produtividade (kg.ha<sup>-1</sup>) e os parâmetros estimados pelo modelo de Gompertz ajustado aos dados de severidade da cercosporiose em diferentes genótipos de beterraba. EPAGRI, E.E. Ituporanga, 2012/2013

Genótipo	Parâmetros do modelo de Gompertz*				Produtividade (Kg.ha <sup>-1</sup> )
	y <sub>max</sub>	ln(y <sub>0</sub> /y <sub>max</sub> )	r	R <sup>2</sup>	
Boro	0,201406	24,776398	0,857317ns**	0,9986429	12.648 ns**
Stays Green	0,185985	20,308722	0,820397	0,9987991	17.007
Modana	0,19486	24,29672	0,837030	0,998940	16.194
All Green	0,206912	13,220800	0,818888	0,9991348	16.554
Early Wonder	0,197903	16,022365	0,917997	0,9970341	15.510
Cabernet	0,186593	24,658725	0,928598	0,9968007	12.467
Itapuã	0,18789	20,75248	0,822380	0,9986277	10.892
CV (%)			24,35		34,05

\*y = y<sub>max</sub> \*(exp(-ln(y<sub>0</sub>/y<sub>max</sub>) \* exp(-r \* x))). onde y: severidade estimada final (% de severidade/100); y<sub>max</sub>: severidade máxima de doença/100; ln(y<sub>0</sub>/y<sub>max</sub>) refere-se a função de proporção da doença na primeira observação; r: taxa, x o tempo em semanas e R<sup>2</sup> coeficiente de determinação. \*\* ns – não significativo pelo teste F 5%.



**Figura 1.** Curva da severidade estimada do progresso da cercosporiose em diferentes genótipos de beterraba e seus respectivos resíduos ajustados pelo modelo de Gompertz. E.E. Itaporanga. 2012/2013.

todos os dados se ajustaram em decorrência de ser a época de cultivo da cultura e a presença da doença na região. A análise dos dados e as equações originadas pelo modelo de Gompertz (Tabela 1) resultaram em um coeficiente de determinação significativo, e a severidade observada correspondeu ao modelo, confirmada pela coerência entre os pontos estimados e do resíduo (erro) nas sete semanas de avaliação (Figura 1). No presente trabalho, a detecção da cercosporiose foi registrada na quinta semana em todos os cultivares com 0,41% e seguiu de forma acentuada até a sétima primeira. As curvas progrediram de forma similar (Figura 1), pois não se observa diferenças marcantes entre o comportamento do progresso da doença entre os cultivares, fato esse comprovado pela severidade final e taxa (Tabela 1). A taxa de progresso da doença não diferiu estatisticamente entre os genótipos (Tabela 1). Foi verificado que o genótipo Carbenet apresentou a maior taxa (0,928) de progresso, enquanto que All Green a menor (0,818). Verificou-se que o genótipo All Green apresentou o pico máximo da severidade com 20,6% e que Stays Green teve o menor acúmulo da doença com 18,6% (Tabela 1). Em outros trabalhos realizados com beterraba açucareira (6) demonstraram que o genótipo suscetível apresentou uma severidade máxima de 15,62% enquanto para o genótipo suscetibilidade foi 5,66% em cinco anos de avaliação. Bălău (1) constatou pequenas diferenças, entre 2,0 e 2,4 pontos percentuais na severidade máxima de três genótipos, semelhante aos resultados aqui apresentados. Kaiser et al. (7) avaliando o progresso da cercosporiose em diferentes genótipos de beterraba açucareira, constataram que na presença da doença os genótipos se comportaram de maneira semelhante. A produtividade (Kg. ha<sup>-1</sup>) não diferiu entre os genótipos avaliados (Tabela 1). Na Lituânia, também não encontraram diferenças significativas (P<0,05%) para produtividade de beterraba açucareira afetada por cercosporiose (6). Também Bălău (1) na Romênia não verificou diferença de produtividade entre genótipos em diferentes anos de avaliação com a presença da doença. Embora não significativo, a cultivar mais produtiva (Stays Green) teve uma diferença de 64 % na produtividade em relação a menos produtiva (Itapuã) (Tabela 1). Conclui-se que os genótipos avaliados não apresentaram diferença no comportamento de progresso quanto à cercosporiose, no entanto, o genótipo Stays Green apresentou a menor intensidade da doença, enquanto que All Green a maior, apesar de que a menor taxa foi verificada nesse genótipo.

## AGRADECIMENTOS

Ao CNPq e à FAPESC (chamada pública do acordo de cooperação CNPq + FAPESC – Repensa) pelo apoio financeiro recebido para condução deste trabalho e pela concessão de bolsas ATP – B.

## REFERÊNCIAS

1. Bălău, A.M. Research regarding the epidemic evolution of *Cercospora leaf spot* (*Cercospora beticola* Sacc.) under ezareni farm conditions. **Lucrări științifice**, Timișoara, v.54, n.2, p.199-202, 2011.
2. Bergamim Filho, A.; Amorim, L. **Doenças de plantas tropicais: epidemiologia e controle econômico**. São Paulo: Ceres, 1996, 289p.
3. Campbell, C.L.; Madden, L.V. **Introduction to plant disease epidemiology**. New York : Wiley Interscience, 1990. 532p.
4. Canteri, M.G.; Althaus, R.A.; Virgens Filho, J.S.; Giglioti, E.A.; Godoy, C.V. SASM - Agri: Sistema para análise e separação de médias em experimentos agrícolas pelos métodos Scoft - Knott, Tukey e Duncan. **Revista Brasileira de Agrocomputação**, Ponta Grossa, v.1, p.18-24, 2001.
5. Ferreira, M.D.; Tivelli, S.W. **Cultura da beterraba: recomendações gerais**. Guaxupé, Coxupé, 1989, 14p. (Boletim Técnico, 2).
6. Gaurilčikienė, I.; Deveikytė, I.; Petraitiienė, E. Epidemic progress of *Cercospora beticola* Sacc. in *Beta vulgaris* L. under different conditions and cultivar resistance. **Biologija**, Vilnius, v.4, p.54–59, 2006.
7. Kaiser, U.; Kluth, C.; Märländer, A. variety-specific epidemiology of *Cercospora beticola* Sacc. and consequences for threshold-based timing of fungicide application in sugar beet. **Journal of Phytopathology**, Berlin, v.158, n.4, p.296–306, 2010.
8. May de Mio, L.L.; Oliveira, R.A.; Floriani, A.M.V.; Schuber, J.M.; Poltronieri, A.S.; Araujo, M.A.; Tratch, R. Proposta de escala diagramática para quantificação da cercosporiose da beterraba. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.9, n.3, p.331-337, 2008.
9. R Development Core Team (2012). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 15 nov. 2018.
10. Tivelli, S.W.; Factor, T.L.; Teramoto, J.R.S.; Fahi, E.G.; Moraes, A.R.A.; Trani, P.E.; May, A. **Beterraba, do plantio à comercialização**. Série Tecnologia APTA. Boletim Técnico IAC, 210. Campinas: Instituto Agrônomico. 2011, 45p.