

RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE SORGO A
Colletotrichum sublineolum: **PREVISIBILIDADE**
POR MEIO DA REAÇÃO DE LINHAGENS
PROGENITORAS

DAGMA DIONÍSIA DA SILVA

2006

DAGMA DIONÍSIA DA SILVA

**RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE SORGO A *Colletotrichum sublineolum*:
PREVISIBILIDADE POR MEIO DA REAÇÃO DE LINHAGENS
PROGENITORAS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Fitopatologia, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador
Prof. Dr. Hilário Antônio de Castro

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2006

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Silva, Dagma Dionísia da

Resistência de híbridos de sorgo A *Colletotrichum sublineolum*:
previsibilidade por meio da reação de linhagens progenitoras / Dagma Dionísia da
Silva. -- Lavras : UFLA, 2006.

124 p. : il.

Orientador: Hilário Antônio de Castro.

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. *Colletotrichum sublineolum*. 2. *Sorghum bicolor*. 3. Piramidação de genes
de resistência. 4. Linhagem progenitora. 5. Linhagem restauradora. 6. Linhagem
macho-estéril. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-633.174

DAGMA DIONÍSIA DA SILVA

**RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE SORGO A *Colletotrichum sublineolum*:
PREVISIBILIDADE POR MEIO DA REAÇÃO DE LINHAGENS
PROGENITORAS**

Dissertação apresentada á Universidade Federal de Lavras
como parte das exigências do Curso de Mestrado em
Agronomia, área de concentração em Fitopatologia, para a
obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 24 de fevereiro de 2006

Prof. Dr. Ludwig H. Pfenning	UFLA
Prof. Dr. Eduardo Alves	UFLA
Dr. Fredolino Giacomini dos Santos	EMBRAPA/Milho e Sorgo
Dr. Carlos Roberto Casela	EMBRAPA/Milho e Sorgo

Prof. Dr. Hilário Antônio de Castro - UFLA
Orientador

**LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2006**

A Deus, inspiração e força, em todos os momentos,
Aos meus sobrinhos, Camila, Everton, Caroline e Ana Clara, amores de minha
vida,

DEDICO.

Aos meus pais, José e Percília, pela humildade, pela dedicação, amor e apoio
incondicional,
A meus irmãos, e cunhados (as), pela força, apoio e amizade,

OFEREÇO.

AGRADECIMENTOS

À minha família, pois, sobre seus alicerces foram construídos todos os meus conceitos morais.

A Casela, por acreditar em meu potencial, pela oportunidade, pelos conhecimentos transmitidos e, especialmente, pela alegre convivência.

Ao professor Hilário, pela orientação e paciência.

Ao Clóvis, pelo apoio em todas as etapas deste trabalho, confiança e amizade.

Ao pesquisador Alexandre da Silva Ferreira, pela força, apoio e carinho.

Ao pesquisador Fredolino Giacomini, pelos materiais e conhecimentos passados.

As estagiárias Eliane, Josiane, Giselle e Cibele, pelo apoio, carinho e amizade.

Aos funcionários da EMBRAPA/Milho e Sorgo, pela disposição, apoio e agradável convivência, em especial, Dênio, Gilberto Cambraia, Nádia, José Moreira, Sr. Geraldo (melhoramento de sorgo), Marília, José Eduardo, Gilberto Geraldo Silva, Janete, Vicente, Enoc, Anízio, José Geraldo, Zé Beleza, Noca, Wânia, Maria Teresa e Conceição e aos estagiários Esdras e Carla, pela disposição em ajudar.

A Vagner Alves da Silva (Agência Rural/GO), pela ajuda nos trabalhos e agradável convivência.

A Dr. Solano, (UFG, *Campus* Jataí), pela valiosa colaboração nos experimentos de campo.

A Dow Agrosciences, na pessoa do Dr. Fernando B. Guimarães, do Dr. Paulo Dion e do Laércio, pela receptividade e valiosa colaboração no ensaio em Jardinópolis.

À amiga Zuleide, agradável companhia e bela amizade que nasceu.

Às colegas de república, Rita de Cássia e Regiane, pela agradável convivência.

Aos amigos do mestrado, com os quais aprendi muito sobre a vida.

Ao amigo Flávio Medeiros, pelas traduções.

Aos colegas do Departamento de Fitopatologia, pela agradável convivência.

A Aretusa, Célia, Cristiane e Andrey, pela amizade iniciada nos tempos da graduação e pela força, sempre.

Aos professores do Departamento de Fitopatologia, pelo conhecimento transmitido.

Aos funcionários do DFP/UFLA, especialmente Renata, Ana e Edinho, pela disposição em ajudar e pelo carinho.

Aos professores da UFMG, pelos conhecimentos transmitidos e pelo apoio.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Departamento de Fitopatologia, pela valiosa oportunidade.

A EMBRAPA/Milho e Sorgo, pelo material cedido, espaço físico e recursos humanos, que possibilitaram a realização deste trabalho,

Ao CNPq, pela concessão de bolsa de estudos, sem a qual não seria possível concluir o mestrado.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO GERAL	i
ABSTRACT	ii
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2.1 O hospedeiro (<i>Sorghum bicolor</i> (L). Moench)	4
2.2 O patógeno (<i>Colletotrichum sublineolum</i> Henn. in Kab. & Bubák).....	7
2.3 A doença	11
2.4 Controle de doenças por meio da resistência genética.....	13
2.5 A piramidação de genes de resistência como estratégia de controle de doenças	16
3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	21
CAPÍTULO 1: DIVERSIDADE POPULACIONAL DE <i>Colletotrichum</i> <i>sublineolum</i> EM SEIS LOCALIDADES NO BRASIL.....	27
RESUMO.....	28
ABSTRACT	29
1 INTRODUÇÃO.....	30
2 MATERIAL E MÉTODOS	32
2.1 Obtenção dos isolados de <i>Colletotrichum sublineolum</i>	33
2.2 Produção e preparo de inóculo.....	33
2.3 Avaliação	34
2.4 Análise e interpretação dos resultados.....	34
3 RESULTADOS	38
4 DISCUSSÃO	45
5 CONCLUSÕES	51
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	52

CAPÍTULO 2: ASSOCIAÇÕES DE VIRULÊNCIA EM <i>Colletotrichum</i>	
<i>sublineolum</i> À RESISTÊNCIA GENÉTICA EM COMBINAÇÕES DE	
LINHAGENS PROGENITORAS DE SORGO	55
RESUMO.....	56
ABSTRACT	57
1 INTRODUÇÃO.....	58
2 MATERIAL E MÉTODOS	60
2.1 Obtenção dos isolados de <i>Colletotrichum sublineolum</i>	61
2.2 Produção e preparo de inóculo.....	61
2.3 Avaliação	62
2.4 Análise e interpretação dos resultados.....	62
3 RESULTADOS	65
4 DISCUSSÃO	71
5 CONCLUSÕES	74
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	75
CAPÍTULO 3: RESISTÊNCIA GENÉTICA DE HÍBRIDOS	
EXPERIMENTAIS DE SORGO A <i>Colletotrichum sublineolum</i> EM QUATRO	
LOCALIDADES NO BRASIL	77
RESUMO.....	78
ABSTRACT	79
2 MATERIAL E MÉTODOS	82
2.1 Ensaio em Sete Lagoas, MG.....	82
2.2 Ensaio em Goiânia, GO	83
2.3 Ensaio em Jataí, GO.....	83
2.4 Ensaio em Jardinópolis, SP.....	84
2.5 Reação de híbridos experimentais a <i>C. sublineolum</i> , em casa de vegetação	84
2.6 Avaliações.....	85
2.7 Análise e interpretação dos dados.....	85

3 RESULTADOS	87
4 DISCUSSÃO	94
5 CONCLUSÕES	97
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	98
CONSIDERAÇÕES FINAIS	101
ANEXOS	102
ANEXO A	102
ANEXO B.....	110
ANEXO C.....	124

RESUMO GERAL

SILVA, Dagma Dionísia da. **Resistência de híbridos de sorgo a *Colletotrichum sublineolum*: previsibilidade por meio da reação de linhagens progenitoras.** 2006. 124 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Fitopatologia)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG*

A antracnose (*Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák), está disseminada em todas as regiões produtoras de sorgo no país. Foi objetivo deste trabalho, caracterizar a diversidade populacional de *C. sublineolum* em locais de ocorrência de severas epidemias da doença, identificar combinações entre linhagens elite capazes de gerar híbridos de sorgo com alta resistência, e, avaliar a resistência dos híbridos gerados por tais combinações em diferentes locais no Brasil. A diversidade populacional e a distribuição de *C. sublineolum* em seis localidades foram analisadas por meio de três índices de diversidade fenotípica e de um índice de complexidade. A maior diversidade foi verificada em Jardinópolis e a maior complexidade em Sete Lagoas e Goiânia. Raças do patógeno encontram-se bem distribuídas em tais populações, prevalecendo as complexas, em relação às mais simples. Para identificar combinações com capacidade de gerar híbridos de alta resistência, quatro linhagens restauradoras e cinco linhagens macho-estéreis foram inoculadas com os mesmos isolados de *C. sublineolum* utilizados para o estudo da diversidade populacional. Utilizaram-se coeficientes de associação de patogenicidade (CAP) e de virulência (CAV) para verificar a ocorrência de dissociação ou associação de virulência a estas combinações, nas seis localidades. Verificou-se a ocorrência de associação de virulência para as combinações entre as linhagens restauradoras e macho-estéreis, testadas neste trabalho, indicando que tais combinações não apresentam potencial na geração de híbridos com alta resistência. Ensaio com os híbridos experimentais foram conduzidos em quatro localidades para identificar aqueles com resistência nos locais avaliados. A reação dos híbridos em ensaios de campo foi compatível com a previsão feita com base na análise da estrutura de virulência do patógeno, sendo a resistência apresentada pela maioria dos genótipos avaliados do tipo horizontal ou do tipo vertical incompleta.

*Comitê orientador: Hilário Antônio de Castro – UFLA (Orientador), Carlos Roberto Casela – EMBRAPA/ Milho e Sorgo (Co - orientador).

ABSTRACT

SILVA, Dagma Dionísia da. **Resistance of sorghum hybrids to *Colletotrichum sublineolum*: previsibility by lineage progenitor reaction.** 2006. 124 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Fitopatologia)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG*

Anthrachnose (*Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák) is disseminated throughout sorghum growing fields in the country, where epidemics occur. The objective of this work was to characterize the diversity of populations of *C. sublineolum* in areas where severe epidemics occur, to identify combinations between sorghum lines able to generate highly resistant sorghum hybrids and, to evaluate the resistance of hybrids generated by such combinations in different places of Brazil. The population diversity and the distribution of *C. sublineolum* in six places were analyzed by three indexes of phenotypic diversity and one index of complexity. The higher diversity was verified in Jardinópolis (SP) and higher complexity in Sete Lagoas (MG) and Goiânia (GO). Races of the pathogen were well distributed in such populations and the complex were more prevalent as compared to the simpler ones. To identify combinations with capacity to generate hybrids with high resistance, four restorer (R) lines and five male-sterile (A) lines were inoculated with the same isolates of *C. sublineolum* utilized for the population diversity study. Coefficients of pathogenicity associations (PAC) and virulence associations (VAC) were used to verify the occurrence of virulence dissociation or association to those combinations, in all six locations. It was verified the occurrence of association of virulence for the combinations between the R and A lines, tested in this work, indicating that such combinations are not potentially useful for the generation of hybrids with durable resistance. Assays with experimental hybrids were carried out in four locations to identify those with resistance in the evaluated locations. The reaction of hybrids in the field were compatible with what was predicted based on the analysis of the virulence structure of the pathogen population. The resistance expressed by the majority of genotypes in the field could be considered to be of horizontal or incomplete vertical type.

*Guidance comitee: Hilário Antônio de Castro–UFLA (Advisor), Carlos Roberto Casela – EMBRAPA/ Milho e Sorgo (Co - advisor).

1 INTRODUÇÃO GERAL

O aumento, em produção, na cultura de sorgo no Brasil foi determinado pela intensificação e modificação nos sistemas de cultivo deste cereal e pelos avanços obtidos no melhoramento genético, com a geração de cultivares de alta produtividade. A cultura expandiu-se para uma área acima de um milhão de hectares em 2003, sendo uma importante opção, como segunda safra, nas regiões Sudeste e Centro-Oeste. Dados recentes mostram que houve incremento de 50% na produção nos últimos cinco anos, quando a safra de 1999/2000 foi de 781,4 mil toneladas, com uma previsão de 1.576,7 mil toneladas em 2004/2005. Nesse mesmo período, a área plantada no país passou de 543,2 para 788,5 mil hectares, correspondendo a um aumento de 66,89% e a produtividade passou de 1.439,0 para 1.988,0 kg/ha, o que reflete em aumento de 72,38% (Companhia Nacional de Abastecimento/Conab, 2005).

Dentre os fatores que limitam a expansão da cultura no país estão as doenças, algumas das quais podem causar perdas significativas à produção de grãos e de forragem, dependendo da suscetibilidade da cultivar e de condições ambientais favoráveis à sua ocorrência e disseminação. Entre elas, as mais importantes são a antracnose (*Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák), a ferrugem (*Puccinia purpurea* Cooke), o mildio (*Peronosclerospora sorghi* (Weston & Uppal) C. G. Shaw), a helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*(Pass.)Leonard & Suggs) e a doença açucarada ou ergot (*Claviceps africana* Frederiksen, Manthe & De Milliano).

Há, nas várias regiões de plantio de sorgo, condições particularmente favoráveis à ocorrência da antracnose, a principal e mais devastadora doença desta cultura, devido não apenas às condições ambientais adequadas à ocorrência de severas epidemias, como também à alta variabilidade apresentada

pelo patógeno. Raças de alta virulência já foram identificadas em várias regiões do país, o que indica a necessidade de um contínuo monitoramento da população local do patógeno (Casela et al., 2001; Casela et al., 1997).

O controle desta doença é considerado prioritário pela indústria de produção de sementes, já que ela pode causar perdas superiores a 80% na produtividade, além de esterilidade parcial de panículas e afetar drasticamente a qualidade da semente produzida. O seu controle é também essencial como suporte à contínua expansão da área de plantio com a cultura. O uso de cultivares resistentes é a melhor forma de controle da doença. Porém, a variabilidade apresentada por *C. sublineolum* representa um entrave para os trabalhos de melhoramento genético visando à obtenção de cultivares resistentes, devido à possibilidade de quebra da resistência pelo surgimento de novas formas de virulência do patógeno que se adaptam às variedades e híbridos comerciais (Guimarães et al., 1999b; Casela & Ferreira, 1987). A identificação de linhagens com diferentes genes de resistência pode ser usada para designar grupos de hospedeiras diferenciadoras em variabilidade patogênica. Por esses motivos, tornam-se necessários estudos que avaliem o comportamento da população do patógeno diante de plantas geneticamente melhoradas.

Existem várias medidas para promover a proteção de plantas contra patógenos. Dentre elas, a resistência das plantas é a mais desejável, pois combina algumas vantagens, como a diminuição do uso de defensivos, tornando o ambiente menos poluído, e ser uma tecnologia que não onera os custos de produção (Adugna, 2004).

Várias estratégias têm sido preconizadas para o manejo da resistência genética, de modo a aumentar a sua durabilidade e a sua estabilidade. Dentre essas, podem ser citadas a formação de pirâmides de genes de resistência, que consiste na incorporação, em um mesmo genótipo, de dois ou mais genes de resistência; a utilização de misturas de genótipos ou de multilinhas e a rotação

de genes de resistência em função da predominância de raças de um patógeno. Uma forma de se atingir este objetivo é a combinação de linhagens com genes de resistência que determinem limitações à capacidade adaptativa do patógeno, diminuindo os prejuízos causados pelo patógeno, que apresenta raças de alta agressividade (Costa, 2004; Wolfe, 1985; Crill, 1982; Nelson, 1973; Browning & Frey, 1969).

Os objetivos deste trabalho foram, portanto, caracterizar a população de *C. sublineolum* quanto a sua diversidade, complexidade e distribuição em seis regiões onde ocorrem severas epidemias; identificar combinações de linhagens de sorgo potencialmente capazes de gerar híbridos de alta resistência e avaliar a estabilidade da resistência de híbridos de sorgo resultantes da piramidação entre estas linhagens, para as quais não exista virulência associada na população do patógeno.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 O hospedeiro (*Sorghum bicolor* (L). Moench)

O sorgo (família *Gramineae*) é uma planta monóica que apresenta flores perfeitas; é uma espécie basicamente autógama, com taxa de polinização cruzada em torno de 5%, que ocorre, principalmente, pelo vento. Sua origem é provavelmente na África Central, na região da Etiópia e Sudão, entre 5 a 7 mil anos atrás ou mais, de onde se propagou por vários países levado por nativos que migravam. O testemunho histórico mais antigo aparece em uma escultura no palácio de Sena Querib, em Nínive, Assíria, 70 a.C. Segundo Von Pinho & Vasconcelos (2002), o sorgo teria, para os povos africanos, a mesma importância que o milho para os americanos.

A planta possui utilização na alimentação humana e faz parte do preparo de alimentos sólidos e líquidos de diversos tipos, sendo fonte de energia na alimentação de 700 milhões de pessoas nos trópicos semi-áridos do mundo, principalmente Ásia e África. No Ocidente, onde foi introduzida em meados do século XIX, a utilização do sorgo era basicamente como substituto do milho no preparo de ração animal. Apesar de ser uma cultura antiga, seu desenvolvimento como cultura agrícola ocorreu no final do século XIX, quando foi introduzida nos EUA, trazida por escravos. Após longo período de adaptação, várias experiências e trabalhos de melhoramento foram realizados visando atender às novas modalidades de utilização e métodos culturais diferentes. Dessa forma, foi nos EUA que, por meio do melhoramento genético de cultivares antigas, chegou-se aos diferentes tipos cultivados hoje. (Von Pinho & Vasconcelos, 2002; Guimarães et al.; 1999b; Ruas et al., 1988).

Três tipos de sorgo são cultivados no Brasil: o granífero, o forrageiro e o tipo vassoura. O sorgo forrageiro é bastante plantado no Sul de Minas Gerais e

Vale do Paraíba. O uso de híbridos de elevada qualidade e produtividade fez com que o sorgo se transformasse em cultura de grande expressão na alimentação animal. O sorgo vassoura, de porte mais alto, colmos finos e panículas apresentando características especiais, torna-o adequado para produção de vassouras. O sorgo granífero é usado para alimentação humana e animal na fabricação de rações e apresenta valor nutricional similar ao do milho. Na indústria, o sorgo granífero é utilizado para a produção de amido, farinha, cerveja, cera, óleo comestível e, ainda, pode ser misturado com o trigo na fabricação de pão e massas (Santos & Casela, 2005; Von Pinho & Vasconcelos, 2002).

A cultura é mais plantada em sucessão à soja, na chamada safrinha, nos estados da região Centro Oeste e como cultura de verão no Rio Grande do Sul. Na região Nordeste, tem se sobressaído nos estados do Rio Grande do Norte, Ceará, Maranhão, Bahia e Pernambuco, onde é uma cultura viável por possuir a capacidade de ser resistente ao estresse hídrico (Von Pinho & Vasconcelos, 2002; Guimarães, et al.; 1999b).

Os países que mais se destacam na produção mundial são os Estados Unidos, Índia, Nigéria, México e Sudão, responsáveis por 75% do total produzido. Outros países, como Argentina, Etiópia, Austrália e Burkina possuíam produção pelo menos duas vezes maior que a brasileira em 2000. Além disso, países como a Argentina e México adotam política de substituição ao milho, ficando o milho excedente destinado à exportação (Von Pinho & Vasconcelos, 2002), o que os torna concorrentes do Brasil neste setor.

A planta se adapta a uma ampla variação de ambientes e, mesmo sob condições desfavoráveis, produz bem, o que não ocorre com a maioria dos outros cereais (Magalhães et al., 2000). Esta ampla variação de ambientes aos quais a cultura se adapta torna o Brasil um produtor potencial de sorgo,

podendo, inclusive, passar a exportador, dadas a grande extensão territorial do país e a diversificação edafoclimática favorável em todo o seu território.

Apesar dessas condições favoráveis, o Brasil produz somente 1% do total mundial. Em 1988, os principais estados produtores eram Rio Grande do Sul, São Paulo, Bahia e Paraná. A área plantada da cultura se expandiu, e, hoje, os estados do Centro-Oeste possuem a maior área plantada, com 442,5 mil hectares, enquanto as regiões Sul, Sudeste e Nordeste correspondem a 27,3; 208,0 e 101,1 mil hectares, respectivamente. Porém, o interesse pela cultura vem crescendo e, com isso, há um aumento anual na área plantada no país (Von Pinho & Vasconcelos, 2002).

O sorgo está substituindo o milho na formulação de ração animal nos períodos que antecedem a safra de milho, quando a produção é escassa. Isso ocorre porque o ciclo da cultura do sorgo é menor em relação ao milho, podendo ser colocado nas indústrias neste período, o que evita o aumento do preço das rações e, conseqüentemente, o preço final de frango e carnes em geral. Além disso, a palatibilidade não é alterada e os problemas com teores de tanino (composto polifenólico) foram resolvidos pelo desenvolvimento de grãos que apresentam um melhor tipo de amido, com baixos teores ou sem tanino. A comercialização de grãos de sorgo com tanino corresponde a 4% do sorgo granífero e, em todo o mundo, de 50% a 60% dos sorgos não têm tanino (Magalhães.; et al, 2000; Von Pinho & Vasconcelos, 2002).

A capacidade do sorgo de se adaptar a regiões onde ocorre menor volume de chuvas faz com que a cultura possa ser utilizada nas regiões do semi-árido nordestino e norte-mineiro. Apesar de esta possibilidade ganhar espaço, seu cultivo ainda é maior no Centro-Oeste, onde os produtores não arriscam plantar o milho no período mais seco e no Sul do país. O maior problema enfrentado pelos produtores brasileiros é o custo de produção que, após 1999, aumentou com a desvalorização cambial. Como o preço do sorgo não é indexado

ao dólar, ao contrário do milho, seu processo produtivo acompanha a variação cambial, levando os produtores a utilizarem menos insumos, o que compromete a produtividade (Von Pinho & Vasconcelos, 2002).

2.2 O patógeno (*Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák)

Colletotrichum sublineolum Henn. in Kab. & Bubák, era considerado como uma forma diferente da espécie *Colletotrichum graminicola* (Ces.) G. W. Wilson que atacava milho, sorgo e outras gramíneas. No entanto, Sutton (1968), baseando-se em diferenças na morfologia do apressório de isolados de milho e isolados de sorgo, propôs a existência de duas espécies diferentes e passou a considerar a espécie de milho como *Colletotrichum graminicola* e a espécie de sorgo como *Colletotrichum sublineolum*. Esta diferença foi evidenciada por estudos mais recentes baseados em análise de DNA fingerprints e sequenciamento de rDNA (Sherriff et al. 1995.; Vaillancourt & Hanau, 1992). Porém, muitos trabalhos ainda se referem à espécie de sorgo como *C. graminicola* e não como *C. sublineolum*, gerando dúvidas a respeito da etiologia da doença.

O fungo produz acérvulos de coloração escura e formato oval a cilíndrico, com setas de coloração escura e que são encontradas, normalmente, no centro das lesões. Os acérvulos se formam na epiderme e nas cavidades subepidérmicas de ambas as superfícies das folhas e colmos. Os conidióforos são produzidos em grande quantidade no interior dos acérvulos e são eretos, hialinos e não septados. Os conídios são produzidos sobre os conidióforos, não apresentam septos e são falciformes (Casela & Ferreira, 1998).

C. sublineolum pode sobreviver por períodos prolongados como micélio em restos de cultura na superfície do solo (até 18 meses) e sementes infectadas. Nas sementes, o fungo pode sobreviver por três anos ou mais, sob condições de

armazenamento em baixa temperatura, e por até dois anos em temperatura ambiente. Espécies selvagens de sorgo e outras espécies hospedeiras, como capim-arroz (*Echinochloa colonum*) e milhã (*Digitaria sanguinalis*), também são fonte primária de inóculo e os conídios produzidos disseminam-se pelo vento e chuva. A produção de esclerócios em colmos secos, em cultivares suscetíveis, também permite ao patógeno sobreviver na ausência do hospedeiro (Casela & Ferreira, 1998; Casela & Frederiksen, 1993; Ali & Warren, 1992; Warren, 1986).

A variabilidade em *C. sublineolum* foi demonstrada, pela primeira vez, por Harris & Johnson em 1967, quando os autores verificaram variações no grau de resistência entre as cultivares de sorgo Wiley, Dwarf Lahore, Dobbs, Mygabash, Framinola, P. I.267340 e MN960. Após o trabalho de Harris & Johnson, vários outros trabalhos mostraram a variação em virulência dos isolados utilizando séries diferenciais de sorgo como marcadores e, dessa forma, vários isolados foram separados em raças em experimentos de casa - de - vegetação e em campo (Rosewich et al., 1998; Pastor-Corrales & Frederiksen, 1978; Frederiksen & Rosenow, 1971; Harris & Sowel, 1970).

Os trabalhos sobre a variabilidade de *C. sublineolum* baseiam-se na patogenicidade, na virulência (reação à doença) e na agressividade (severidade), verificadas por meio da utilização de uma série diferencial de cultivares que respondem diferentemente à doença foliar (Mathur et al., 2003; White et al., 1987). Segundo Rosewich et al. (1998), o número de diferenciadoras utilizadas é fator limitante à identificação adequada da amplitude da variação entre os isolados e os dados não podem ser comparados, devido ao fato de não haver uma série diferencial uniforme a todos os pesquisadores. Por esse motivo, cada estudo fica limitado às diferenciadoras utilizadas, não havendo o conhecimento real da variabilidade do patógeno em todas as regiões produtoras. Além disso, a base genética da resistência nas diferenciadoras é desconhecida e a interação

gene a gene no patossistema *Sorghum-C. sublineolum* não tem sido demonstrada.

No Brasil, a existência de raças fisiológicas de *C. sublineolum* foi demonstrada, pela primeira vez, por Nakamura (1984), citado por Casela & Frederiksen (1994), quando cinco raças foram identificadas com base na reação diferencial de cinco cultivares de sorgo a isolados do patógeno obtidos de plantas infectadas de diferentes regiões do país. Sete raças foram posteriormente identificadas, tendo por base a reação diferencial de doze cultivares de sorgo, (Ferreira & Casela, 1986).

Neste momento, criou-se um sistema para a classificação de raças de *C. sublineolum*, que foi desenvolvido com base na reação de nove cultivares de sorgo selecionadas a partir da série diferencial utilizada pelos autores, em 1986. Neste sistema, as cultivares BR008, BR005 e CMSXS136 separaram as raças do patógeno em oito grupos principais, enquanto os demais genótipos caracterizaram 32 raças dentro de cada grupo. Foi possível diferenciar 13 raças adicionais em 210 culturas monospóricas coletadas em diferentes regiões do país, entre 1985 e 1987 (Casela & Ferreira, 1987).

Em trabalho mais recente, Casela et al. (2004) identificaram 75 fenótipos diferentes, de um total de 314 isolados monospóricos. Desses, 45 raças foram identificadas em cada ano e 16 deles foram comuns em dois anos de coleta. Dezesesseis raças corresponderam a 68% do total de isolados testados e, somente quatro deles foram detectados em todos os anos e locais, tendo a raça mais comum representado 9,55% de todos os isolados.

Respostas à seleção direcional imposta por cultivares hospedeiras geneticamente resistentes já foram obtidas nas condições brasileiras. De fato, variedades como Brandes, Theis, Rio e Wray, que foram inicialmente resistentes à antracnose quando introduzidas no país em 1987 tornaram-se suscetíveis quando novas raças do fungo apareceram após 1987 (Mathur et al., 2003).

Segundo Rosewich et al. (1998), o conhecimento da composição genética da população do patógeno seria uma ferramenta de auxílio para determinar se a resistência será quebrada, caso possa ser associada a mudanças na estrutura genética da população do patógeno. Amostras do genótipo parcialmente resistente, SC326-6, usado como pai resistente em programas de melhoramento genético à antracnose e que se manteve resistente em algumas áreas por mais de 10 anos, resultaram em três haplótipos diferentes, quando avaliados 140 isolados obtidos desse genótipo.

Casela et al. (2001), avaliando diferenças na capacidade competitiva entre raças do patógeno, com diferentes graus de complexidade quanto à virulência, mostraram que isolados da raça denominada 30A foram predominantes em relação à raça denominada 31E, de maior grau de complexidade, indicando haver diferenças na capacidade competitiva entre raças do patógeno.

A seleção estabilizadora contra o acúmulo de virulência desnecessária no patógeno é uma hipótese formulada por Vanderplank (1698), que tenta explicar as variações nas populações patogênicas. Segundo o autor, esta força estabilizaria a população do patógeno e preveniria o acúmulo de genes de virulência. Se este fenômeno ocorre, de fato, no patossistema *Sorghum-C.sublineolum*, é possível controlar a antracnose utilizando-se estratégias de rotação de genes, misturas de cultivares e piramidação de genes de resistência (Cardwel, 1989).

A avaliação da resistência de genótipos de sorgo a *C. sublineolum*, feita por Guimarães et al. (1999b), em Sete Lagoas, MG e Cravinhos, SP, mostrou que os genótipos apresentavam gradações em relação aos níveis de resistência e estes foram divididos em grupos. Em Cravinhos, nenhum dos genótipos apresentou resistência completa e o valor médio de severidade foi três vezes maior que em Sete Lagoas, onde alguns genótipos mostraram-se resistentes. Isso

levou os autores à conclusão de que ocorreram raças diferentes de *C. sublineolum* ou de maior agressividade prevalentes em Cravinhos. Este estudo evidenciou a necessidade de monitoramento constante da reação de genótipos de sorgo às populações de *C. sublineolum* de diferentes locais, principalmente quando o objetivo final é a obtenção de material comercial com resistência durável.

2.3 A doença

A antracnose está presente em todas as regiões de plantio de sorgo no Brasil e é favorecida por condições de alta umidade e temperatura, embora regiões com breve período de chuva, seguido por seca prolongada, também estejam sujeitas à ocorrência de epidemias severas (Casela et al., 1998; Casela & Frederiksen, 1994).

A doença se expressa em 3 fases: antracnose foliar, podridão do colmo e antracnose da panícula. A fase foliar pode ocorrer em qualquer estágio de desenvolvimento da planta, aparecendo, normalmente, a partir do início de desenvolvimento da panícula e tem como sintoma a produção de lesões elípticas a circulares, medindo até 5mm de diâmetro. No centro dessas lesões, a coloração característica é palha, com margens avermelhadas, alaranjadas ou castanhas, que variam com a cultivar. Sob condições ideais, as manchas aumentam em quantidade e coalescem, cobrindo toda a folha. No centro das lesões, formam-se numerosos acérvulos que permitem identificar a doença no campo. Ocorre, ainda, uma massa de conídios entre as setas que dão à lesão uma coloração creme (Casela & Ferreira, 1998).

O aparecimento de lesões na nervura central pode ocorrer independentemente da presença ou não da infecção foliar. São sintomas de antracnose nas nervuras, lesões elípticas a alongadas, de coloração avermelhada,

púrpura ou negra, sobre as quais se formam acérvulos em grande quantidade. Quando aparecem sintomas foliares juntamente com os sintomas nas nervuras, os danos da doença podem ser maiores em relação aos sintomas isolados (Casela & Ferreira, 1998).

Na panícula, os sintomas são caracterizados por lesões formadas abaixo da epiderme e têm inicialmente um aspecto encharcado e que, com o tempo, adquirem uma coloração cinza a púrpura-avermelhada. O seccionamento da panícula possibilita a verificação de áreas de uma cor castanho-avermelhada alternadas com áreas esbranquiçadas. Nas panículas, a esporulação pode ocorrer na raque, nas ramificações primárias, secundárias e terciárias, nas glumas e nas sementes. Panículas de plantas infectadas apresentam tamanho reduzido, menor peso e amadurecimento precoce. Em situações de ataque severo, pode ocorrer esterilidade parcial. As plantas com antracnose da panícula podem originar sementes infectadas que não germinam ou dão origem a plântulas doentes. Os conídios que causam a antracnose da panícula são produzidos durante a fase foliar (Casela & Ferreira, 1998).

A podridão do colmo ocorre, geralmente, em plantas adultas. É também causada por conídios produzidos na fase foliar da doença. A água de chuva ou da irrigação leva os conídios até a bainha das folhas e estes, ao germinarem,, penetram o pedúnculo ou a panícula causando podridão no colmo de onde a doença se estende para a panícula (Casela & Ferreira, 1998).

Caracteriza-se a podridão do colmo pela formação de cancrios que apresentam áreas mais claras, circundadas por pigmentos da planta hospedeira. As lesões ocorrem no tecido internodal, principalmente no pedúnculo e podem se apresentar de forma contínua ou em forma de manchas isoladas. Devido ao crescimento do fungo nos tecidos vasculares, o movimento da água e de nutrientes é prejudicado, o que faz com que haja um pobre desenvolvimento de panícula e grãos (Casela & Ferreira, 1998). A infecção do colmo, segundo os

mesmos autores, resulta em perdas e redução considerável na produção de grãos e de forragem. A antracnose causa perdas diretas e indiretas na produção que variam entre regiões, cultivares e, principalmente, condições climáticas.

As perdas indiretas de grãos causadas pela doença são resultado da redução da germinação das sementes e transmissão da doença para novas regiões geográficas. A redução da massa, a densidade e o aborto das sementes são os fatores mais importantes na queda da produção. A seca prematura de folhas e a desfolha podem reduzir a produção de grãos e forragem em 30% a 50% ou mais, para cultivares suscetíveis, durante epidemias severas (Casela & Ferreira, 1998; Pande et al., 1994; Harris & Sowel, 1970).

2.4 Controle de doenças por meio da resistência genética

Existem várias medidas para promover a proteção de plantas contra patógenos e, dentre elas, a resistência genética é a mais desejável, pois combina algumas vantagens, como a diminuição do uso de defensivos, evitando a poluição do ambiente e ser uma tecnologia que não onera os custos de produção, já que as sementes de um híbrido resistente possuem o mesmo valor comercial de um suscetível. No entanto, a resistência nem sempre é durável e existe a dificuldade de se saber até quando esta se manterá após a liberação do híbrido no mercado.

Considera-se a resistência como durável quando uma cultivar amplamente plantada em ambiente favorável mantém-se resistente a um determinado patógeno por um longo período de tempo (Adugna, 2004; Crute & Pink, 1996; Casela & Ferreira, 1988). Por este motivo, a eficiência das estratégias de controle de doenças de plantas depende da capacidade de manejo da variabilidade da população local do patógeno e da necessidade de adaptação

de medidas de controle para patógenos de alta variabilidade (Andrison & Vallavieille-Pope, 1995).

O melhoramento das culturas agronomicamente importantes beneficia os produtores por meio do comércio de produtos com melhor qualidade. Dessa forma, grandes extensões de variedades uniformes são plantadas, o que favorece a ocorrência de epidemias severas. Isso porque, após um período de intenso uso de uma cultivar resistente, a seleção direcional em favor de raças virulentas determina a quebra da resistência, completando o chamado ciclo 'boom and bust'. Aliado a isso, o uso de pais em comum, muitas vezes suscetíveis, leva a um estreitamento da base genética, facilitando o surgimento de novas raças do patógeno (Adugna, 2004; Pink, 2002).

A resistência a patógenos pode ser durável por diversas razões e não somente em função das propriedades dos genes. Entre os fatores que podem influenciar na resistência podem-se incluir o sistema de cultivo utilizado, a herança da durabilidade dessa resistência, a variabilidade na população do patógeno, como já citado, o ciclo de vida do hospedeiro e do patógeno, o tamanho da população do patógeno, fatores epidemiológicos e a forma de utilização de genes de resistência (Adugna, 2004; Parlevliet, 1993).

A resistência contra patógenos de solo, que têm dispersão limitada, pode ser mais durável que para aqueles que se dispersam mais facilmente, enquanto que para patógenos obrigatórios, como os causadores de ferrugens e míldios, a eficiência de genes de resistência tem sido limitada. Alguns patógenos têm tendência para desenvolver patogenicidade específica ao hospedeiro e outros não. Os vírus, por exemplo, são menos especializados que fungos. Patógenos altamente variáveis que interagem numa relação gene-a-gene com seus hospedeiros, nos quais existem muitos genes de resistência específicos a raças, são normalmente mais especializados e, provavelmente, a resistência contra eles será de menor durabilidade. Para patógenos com pouca ou nenhuma raça

conhecida e com poucos relatos de quebra de resistência, qualquer resistência observada pode ser selecionada para utilização no controle de doenças (Adugna, 2004; Johnson, 1983; Pink, 2002; Parlevliet, 1993).

Quanto ao uso dos genes de resistência, pode-se explorá-los de duas maneiras. Distribuir os genes no espaço e no tempo (manejo temporal) ou combiná-los em um mesmo genótipo (barreiras múltiplas). No primeiro caso, os genes usados estão em cultivares diferentes, que podem ser distribuídas de variadas formas, como em misturas de cultivares, ou multilinhas, numa mesma área, em cultivares diferentes, em diferentes áreas, dentro de uma mesma unidade produtiva (desenvolvimento em nível de fazenda) e cultivares recomendados para diferentes regiões, dentro de uma mesma área epidemiológica (desenvolvimento regional). As multilinhas e as misturas são baseadas na ocorrência de confronto do patógeno com uma grande diversidade de genes de resistência no hospedeiro (Casela et al., 2001; Crute & Pink, 1996; Parlevliet, 1993). De fato, uma diminuição na severidade da antracnose do sorgo foi verificada por Guimarães et al. (1998) em avaliação do controle da antracnose em mistura de cultivares no Brasil. Um problema prático no uso de misturas é que os consumidores e produtores requerem uniformidade para características agrônômicas (ex. época de colheita, altura de plantas), o que nem sempre ocorre no caso das misturas. No caso das multilinhas, este problema não ocorre, mas, o longo tempo requerido para o seu desenvolvimento é limitante (Crute & Pink, 1996).

Outras estratégias de manejo da doença são a reciclagem de genes de resistência e a utilização sazonal de genes de resistência. A reciclagem consiste na liberação de genes de resistência em uma determinada região epidemiológica, até um ponto que anteceda o desenvolvimento na população do patógeno de raças virulentas em uma frequência suficiente para determinar severas epidemias da doença. Detectada uma nova raça, a cultivar é substituída por outra contendo

um segundo gene de resistência. O mesmo procedimento é realizado com esta cultivar até o surgimento de uma nova raça. Neste ponto, o primeiro gene utilizado deve retornar. A idéia é que, pela ação da seleção estabilizadora, raças com genes desnecessários de virulência a esse gene estejam ausentes na população do patógeno ou em baixa frequência, o que significa que este gene será novamente efetivo no controle da doença quando reintroduzido na área. Ao final do processo, três cultivares com características agrônômicas desejáveis e diferentes genes de resistência vertical poderão ser recicladas indefinidamente. Já a utilização sazonal de genes de resistência, consiste em fazê-lo em função das diferentes épocas de plantio de uma espécie (Casela & Guimarães, 2005).

Todas estas estratégias visam a melhor utilização dos genes de resistência e foram preconizadas para o manejo da resistência genética de modo a aumentar a sua durabilidade e a sua estabilidade. Outra estratégia, a formação de pirâmides de genes de resistência, que consiste na incorporação, em um mesmo genótipo, de dois ou mais genes de resistência, é amplamente utilizada (Costa, 2004; Wolfe, 1985; Crill, 1982; Browning, 1969; Nelson, 1973) e será detalhada a seguir.

2.5 A piramidação de genes de resistência como estratégia de controle de doenças

A utilização de cultivares resistentes é o método preferido de controle de doenças, por ser mais barato e fácil de utilizar. Em algumas culturas, o método mais importante de controle é a resistência genética. O sorgo é uma dessas culturas, visto que outros métodos não foram eficientes ou são inviáveis. Após obter-se a cultivar resistente é necessário definir a melhor estratégia para que a resistência seja durável, uma vez que os patógenos, em sua maioria, possuem

vários mecanismos de variabilidade o que lhes dá capacidade de vencer os genes incorporados em uma planta rapidamente (Camargo & Bergamin Filho, 1995).

A piramidação de genes de resistência é uma estratégia amplamente usada por melhoristas na tentativa de obter cultivares com resistência a doenças, pela introdução de dois ou mais genes de resistência em um mesmo genótipo. Seu sucesso fundamenta-se na teoria de que é difícil para o patógeno acumular, em única raça, todos os genes de virulência necessários para vencer todos os genes de resistência combinados no hospedeiro. Dessa forma, quanto maior o número de genes combinados, menor a possibilidade de quebra da resistência, ou seja, maior a durabilidade da resistência (Camargo & Bergamin Filho, 1995; Mundt, 1990).

Esta estratégia nem sempre tem resultado em grande durabilidade da resistência, já que a utilização da resistência vertical é causa frequente da quebra de resistência (Adugna, 2004; Crute & Pink, 1996; Kolmer, 1991; Mundt, 1990; Pedersen & Leath, 1988). O princípio da piramidação é contestado por Mundt (1990, 1991), por sugerir que há uma associação positiva entre o número de genes de resistência nas cultivares e a durabilidade destas, o que nem sempre ocorre, devido à pressão da seleção direcional em favor das raças complexas. Portanto, a durabilidade da resistência vai depender do tempo para que uma nova mutação ou recombinação resulte em combinação de virulência equivalente aos genes de resistência no hospedeiro e para que a nova raça se estabeleça na população do patógeno (Pink, 2002).

Aparentemente, parece difícil que dois genes de resistência sejam eficientes contra raças específicas de um patógeno, porém, por mais de 15 anos, a piramidação manteve cultivares de aveia resistentes contra a ferrugem. Este fato mostra que, se forem combinados genes adequados de resistência, a resistência pode ser altamente durável. Para isso, deve-se conhecer todos os genes envolvidos na área da epidemia. Colocar dois genes de resistência em

cultivares agronomicamente importantes é fácil, mas, devido à variabilidade do patógeno, a resistência torna-se dependente das raças existentes em determinada região, podendo os genes serem eficientes contra algumas raças e a outras não. Outra dificuldade é distinguir os genes de resistência; por exemplo, um genótipo que carrega o gene R1 não pode ser distinguido de um genótipo que carrega o gene R2 ou o conjunto R1R2. Além disso, a seleção de genótipos que combinem os dois genes de resistência e que apresentem características agrônômicas desejáveis é uma tarefa complicada (Parlevliet, 1993).

Wheeler & Diachun (1983), citados por Mundt (1990), sugeriram que uma variedade com quatro ou cinco genes de resistência pode gerar resistência estável por anos. No entanto, Mundt (1990), ao avaliar dados de experimentos realizados por Green & Campbell (1979) no patossistema *Triticum aestivum/Puccinia graminis* Pers. var. *tritici* Eriks & Henn., verificou que, entre quatro cultivares que possuíam quatro genes de resistência ou mais, três tiveram durabilidade da resistência de 1951 a 1978, mas a quarta delas não manteve a resistência. Outras cinco cultivares liberadas comercialmente antes de 1951, possuíam quatro genes de resistência identificados, porém, três delas não mantiveram a resistência durável e as outras duas foram suscetíveis quando liberadas para uso comercial. Portanto, o uso de genes de resistência combinados pode não ter resultado em durabilidade por impor seleção para virulência correspondente na população do patógeno.

No patossistema *Triticum aestivum/Puccinia graminis*, a presença de um gene denominado Sr_6 , está mais associada à durabilidade da resistência nas cultivares que o número de genes que ela possui. Neste patossistema, entre sete cultivares de trigo, cinco apresentaram resistência durável e, dentre elas, quatro possuíam o gene Sr_6 e duas que não mantiveram possuíam cinco e dois genes de resistência, respectivamente, porém nenhuma delas possuía o Sr_6 em sua constituição genética (Mundt, 1990). O autor cita a ocorrência de virulência

contra este gene em populações de *P. g. tritici* na América do Norte e Austrália, mas, certas combinações de virulência na população do patógeno resultam em redução da adaptação, levando a uma baixa frequência das raças na população. Ou seja, torna-se difícil distinguir se a resistência é devido à eficiência dos genes introduzidos ou à baixa adaptação do patógeno.

Huang et al. (1997), avaliando a resistência de linhagens de linho melhoradas com 2, 3 e 4 genes de resistência a *Xanthomonas oryzae*, verificaram que as linhagens piramidadas apresentaram maior resistência que aquelas que possuíam somente um gene de resistência e ainda que linhagens com genes Xa-4/xa-13 foram resistentes à raça 4, que era virulenta a seus progenitores. Outras linhagens piramidadas mostraram tamanho de lesões menores que seus parentais. Segundo os autores, a maior resistência apresentada pelas linhagens piramidadas pode ter resultado da interação ou complementação entre os genes de resistência. De qualquer forma, essa estratégia estaria contribuindo para a duração da resistência e, se for associada a outras estratégias, como rotação de genes, misturas e desenvolvimento sazonal e temporal, poderá ter sua eficácia aumentada.

No caso do sorgo, a variabilidade apresentada por *C. sublineolum* representa o maior entrave para os trabalhos de melhoramento genético, visando à obtenção de cultivares resistentes, devido à possibilidade de quebra da resistência pelo surgimento de novas formas de virulência do patógeno que se adaptam às variedades e híbridos comerciais. Essa variabilidade faz com que uma cultivar considerada resistente em uma região apresente reação de suscetibilidade quando cultivada em região de clima diferente ou em épocas diferentes numa mesma região (Costa, 2004; Guimarães et al., 1998; Mathur et al.; 1997; Casela & Ferreira, 1987). Uma combinação efetiva de resistência pode ser construída de forma aditiva até o ponto de ser vulnerável a combinações de virulência que não ocorrem na população do patógeno. Por exemplo, nenhuma

raça de *C. sublineolum* expressa virulência às cultivares SC283 e SC748-5 simultaneamente. Em análise sobre a estrutura de virulência de *C. sublineolum*, verificou-se um alto grau de dissociação de virulência aos genótipos SC748-5 e Tx378. Combinações de linhagens com estas características podem resultar em híbridos com uma resistência vertical de maior durabilidade (Casela et al., 1996; Casela & Ferreira, 1995).

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADUGNA, A. Alternate approaches in deploying for disease resistance in crop plants. **Asian Journal of Plants Sciences**, v.3, n.5, p.618-623, 2004.

ALI, M. E.; WARREN, H.L. Anthracnose of sorghum. In: de MILLIANO, W.A.J.; FREDERIKSEN, R.K.; BENGSTON, G.D. **Sorghum and millets diseases: a second world review**. Pantacheru, India: ICRISAT 1992. p.203-208.

ANDRIVON, D.; DE VALLAVIEILLE-POPE, C.R. Race diversity and complexity in selected populations of fungal biotrophic pathogens of cereals. **Phytopathology**, v.85, n.8, p.897-905, 1995.

BROWNING, J.A.; FREY, K.J. Multiline cultivars as a mean of disease control. **Annual Review Phytopathology**, v.7, p.355-382, 1969.

CARDWEL, K.F.; HEPPELTY, P.R.; FREDERIKISEN, R.A. Pathotypes of *Colletotrichum graminicola* and transmission of sorghum anthracnose. **Plant Disease**, v.73, p.255-257, 1989.

CAMARGO, B.F. Controle genético. In: BERGAMIN FILHO, K. (Ed.). **Manual de fitopatologia: princípios e conceitos: manual de fitopatologia**. 3.ed. São Paulo: Ceres, 1995. Cap. 37.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Reação de genótipos de sorgo a sete patótipos de *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose. **Fitopatologia Brasileira**, v.12, n.1, p.60-62, 1987.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Associações de virulência em *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, v.20, n.1, p.33-38, 1995.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. **Antracnose do sorgo (*Colletotrichum graminicola*)**. Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS, 1998. 19p. (Circular Técnica, 28).

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; BRANCAO, N. Variabilidade e estrutura de virulência em *Colletotrichum graminicola*. **Fitopatologia Brasileira**, v.21, n.3, p.357-361, 1996.

CASELA, C.R.; FREDERIKSEN, R.A. Survival of *Colletotrichum graminicola* sclerotia in sorghum stalk residue. **Plant Disease**, v.77, p.825-827, 1993.

CASELA, C.R.; FREDERIKSEN, R.A. Pathogenic variability in monoconidial isolates of the sorghum anthracnose fungus *Colletotrichum graminicola* from single lesions and from monoconidial cultures. **Fitopatologia Brasileira**, v.19, n.2, p.149-153, 1994.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; SANTOS, F.G. Associação de virulência de *Colletotrichum graminicola* à resistência genética em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, v.23, n.2, p.143-146, 1998.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; SANTOS, F.G. Differences in competitive ability among races of *Colletotrichum graminicola* in mixtures. **Fitopatologia Brasileira**, v.26, n.2, p.217-219, 2001.

CASELA, C.R.; GUIMARÃES, F.B. Rotação de genes no manejo da resistência a doenças. **RAPP**, v.13, p.321-349, 2005.

CASELA, C.R.; SANTOS, F.G.; FERREIRA, A.S. Race diversity and complexity in populations of the sorghum anthracnose fungus *Colletotrichum graminicola*. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.3, n.1, p.30-37, 2004.

CASELA, C.R. et al. Sorgho (*Sorghum bicolor* (L.) Moench): controle de doenças In: VALE, F.X.R, do; ZAMBOLIM, L. (Ed.). **Controle de doenças de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 1997. p.1025-1064.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra 2004/2005**. Disponível em: <www.conab.gov.br. Acesso em: 24 out. 2005.

COSTA, R.V. da. **Estudo da herança e manejo da antracnose do sorgo por meio da diversificação da população hospedeira**. 2004. 98f. Tese (Doutorado em Fitopatologia)-Faculdade de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

CRILL, P. **Evolution of the gene rotation concept for rice blast control**. A compilation of 10 research papers international rice research institute, Philippines. International Rice Research Institute, 1982. (Research Papers. 10). 1

CRUTE, I.R.; PINK, D.A. Genetics and utilization of pathogen resistance in plants. **The Plant Cell**, v.8, p.1747-1755, 1996.

FERREIRA, A.S.; CASELA, C.R. Raças patogênicas de *C. graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo (*Sorghum bicolor*). **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.11, p.83-87, 1986.

FREDERIKSEN, R.A.; ROSENOW, D.T. Disease resistance in sorghum. In: ANUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 26., 1971. HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 11., 1971, Chicago. **Proceedings...** Washington: American Seed Trade Association, 1971. p.71-82.

GREEN, G.J.; CAMPBELL, A.B. Wheat cultivars resistant to *Puccinia graminis tritici* in western Canada: their development, performance, and economic value. **Canadian Journal Plant Pathol.**, v.1, p.13-15, 1979.

GUIMARÃES, F.B. et al. Controle da antracnose do sorgo através da utilização de misturas de culturas. **Summa Phytopathologica**, v.24, n.2, p.131- 135, 1998.

GUIMARÃES, F.B. et al. Avaliação da estabilidade fenotípica e previsibilidade da resistência de cultivares de sorgo a *Colletotrichum graminicola*. **Summa Phytopathologica**, v. 25, n.1, p.9-13, 1999a.

GUIMARÃES, F.B. et al. Avaliação da resistência de genótipos de sorgo à antracnose. **Summa Phytopathologica**, v.25, n.4, p.308-312, 1999b.

HARRIS, H.B.; GROVER SOWELL, J. Incidence of *Colletotrichum graminicola* on *Sorghum bicolor* introductions. **Plant Disease Reporter**, v.54, n.1, p.60-62, jan. 1970.

HARRIS, H.B.; JOHNSON, R. Sorghum anthracnose symptoms, importance and resistance. In: BIEN GRAIN SORGHUM RES. AND UTIL. CONFERENCE, 5., 1967, Lubbock, Texas. **Proceedings...** Lubbock, Texas: Grain Sorghum Producers Association, 1967. p.48-52.

HUANG, N. et al. Pyramiding of bacterial blight resistance genes in rice: marker-assisted selection using RFLP and PCR. **Theory Applied Genetic**, v.95, p.313-320, 1997.

JOHNSON, R. Genetic background of durable resistance. In: LAMBERT, F.; WALTER, J.M.; VAN DER GRAAFF, N.A. (Ed.). **Durable resistance in crops**. New York: Plenum, 1983. v.55, p.5-26.

KOLMER, J.A. Phenotypic diversity in two populations of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in Canada during 1931-1987. **Phytopathology**, v.1, n.3, p.311-315, 1991.

MAGALHÃES, P.C.; DURAES, F.O.M.; SHAFFERT, R.E. **Fisiologia da planta de sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2000. 46p. (Circular Técnica, 3).

MATHUR, K. et al. Sorghum anthracnose- problem and management strategies. In: GLOBAL 2000: SORGHUM AND MILLET DISEASES 3.; 2000, Guanajuato. **Proceedings...** Guanajuato: Sorghum and Millet International Research. Instomil, 2003.

MATHUR, K.; RAO V.P; THAKUR, R.P. Intra population variability in *Colletotrichum sublineolum* infecting sorghum. **Journal of Mycology and Plant Pathology**, v.27, p.302-310, 1997.

MUNDT, C.C. Probability of mutation to multiple virulence and durability of resistance gene pyramids. **Phytopathology**, v.80, n.3, p.221-223, 1990.

MUNDT, C.C. Probability of mutation to multiple virulence and durability of resistance gene pyramids: further comments. **Phytopathology**, v.81, n.3, p.240-242, 1991.

NELSON, R.R. **Breeding plants for disease resistance: concepts and applications**. Pennsylvania: Pennsylvania State University, 1973. 401p.

PANDE, S. et al. Development of screening methods and identification of stable resistance to anthracnose in sorghum. **Field Crops Research**, v.38, p.157-166, 1994.

PARLEVLIET, J.E. What is durable resistance, a general outline. In: JACOBS, TH.; PARLEVLIET, J.E. (Ed.). **Durability of disease resistance**. Netherlands. Academic, 1993. p.23-39.

PASTOR-CORRALES, FREDERIKSEN, R.A. Sorghum anthracnose. In: INTERNATIONAL WORKSHOP OF SORGHUM DISEASES, Hyderabad, India, 1978. **Proceedings...** Andhra Pradesh: ICRISAT, 1978. p.289-294.

PEDERSEN, W.L.; LEATH, S. Pyramiding major genes for resistance to maintain residual effects. **Annual Review Phytopathology**, v.26, p.369-378, 1988.

- PINK, D.A.C. Strategies using genes for non-durable disease resistance.: **Euphytica**, Netherlands, v.124, p.227-236, 2002.
- SANTOS, F.G.; CASELA, C.R. ; WAQUIL, J.M. Melhoramento do sorgo. In: BORÉM, A. **Melhoramento das espécies cultivadas**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2005. p.605-812.
- SHERRIFF, C. et al. rDNA sequences analyses confirms the distinction between *Colletotrichum graminicola* and *C. Ssublineolum*. **Mycology Res.** v.99, p.475-478, 1995.
- ROSEWICH, U.L. et al. Genetic structure and temporal dynamics of a *Colletotrichum graminicola* population in a sorghum disease nursery. **Phytopathology**, v.88, n.10, p.1087-1093, 1998.
- RUAS, D.G.G.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. **Recomendações técnicas para o cultivo do sorgo**. 3.ed. Sete Lagoas: EMBRAPA/ CNPMS, 1988. 80p. (Circular Técnica, 1).
- SUTTON, B.C. The apossoria of *Colletotrichum graminicola* e *Colletotrichum falcatum*. **Canadian Journal Botany**, v.46, p.873-876, 1968.
- VANDERPLANK, J.E. **Disease resistance in plants**. London/New York: Academic, 1968. 206p.
- VAILLANCOURT, L.J.; HANAU, R.M. Genetic and morphological comparisons of *Glomerella (Colletotrichum)* isolates from maize and from sorghum. **Experimental Mycology**, v.16, p.219-229, 1992.
- VON PINHO, R.G.; VASCONCELOS, R.C. **Cultura do sorgo**. Lavras: UFLA/FAEPE, 2002. 76p. (Texto Acadêmico).
- WARREN, H.L. Foliar disease-leaf anthracnose. In: FREDERIKSEN, R.A. (Ed.). **Compendium of Sorghum diseases**. Texas: American Phytopathological Society, 1986. p.10-11, 40.
- WHEELER, H.; DIACHUN, S. Mechanisms of pathogenesis. In: Challenging problems in plant health. KOMMEDAHL, T.; WILLIAMS, P.H. (Ed.). **American Phytopathological Society**. St Paul, MN: 1983. p.324-333.

WHITE, D.G.; YANNEY, J.; ANDERSON, B. Variation in pathogenicity, virulence and aggressiveness of *Colletotrichum graminicola* on corn. **Phytopathology**, v.77, n.7, p.999-1001, 1987.

WOLFE, M.S. The current status and prospects of multiline and variety mixtures for disease resistance. **Annual Review Phytopathology**, v.23, p.251-273, 1985.

**CAPÍTULO 1: DIVERSIDADE POPULACIONAL DE *Colletotrichum*
sublineolum EM SEIS LOCALIDADES NO BRASIL**

RESUMO

SILVA, Dagma Dionísia da. Diversidade populacional de *Colletotrichum sublineolum*, em seis localidades no Brasil. **In: Resistência de híbridos de sorgo a *Colletotrichum sublineolum*: previsibilidade por meio da reação de linhagens progenitoras** 2006. p. 27-54. Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Fitopatologia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG*

Foi objetivo deste trabalho caracterizar a população de *Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák por meio da avaliação da virulência em linhagens elites de sorgo do programa de melhoramento genético da Embrapa/ Milho e Sorgo, utilizadas como diferenciadoras. As plantas foram inoculadas com 289 isolados monospóricos obtidos de Palmeira de Goiás e Goiânia, GO, Sete Lagoas, Ipiaçu e Uberlândia, MG, e Jardinópolis, SP. Setenta raças do fungo foram designadas por meio de sistema binário. Em seguida, a população foi caracterizada quanto à diversidade fenotípica por meio de índices de Shannon, Gleason e Simpson, e de um índice de complexidade, e quanto a sua distribuição e frequência nas seis localidades. Somente a raça 31.04 foi encontrada nos seis locais avaliados e foi a raça mais frequente em Uberlândia, Ipiaçu e Palmeira de Goiás. A raça mais complexa, 31.31, foi detectada em alta frequência em Sete Lagoas e Goiânia e somente em Palmeira de Goiás não foi encontrada. Pôde-se verificar que as raças mais frequentes em cada localidade foram em sua maioria, bem dispersas nas seis regiões avaliadas. O local com maior diversidade fenotípica foi Jardinópolis, de acordo com os índices de Shannon, Simpson e Gleason. O maior índice de complexidade de raças foi encontrado em Sete Lagoas e Goiânia simultaneamente, seguidas por Jardinópolis, Ipiaçu, Uberlândia e Palmeira de Goiás, respectivamente. Houve correlação entre os índices de Shannon e Gleason e, entre os índices de diversidade e de complexidade, não houve correlação.

*Comitê orientador: Hilário Antônio de Castro – UFLA (Orientador), Carlos Roberto Casela – EMBRAPA/ Milho e Sorgo (Co - orientador).

ABSTRACT

SILVA, Dagma Dionísia da. Population diversity of *Colletotrichum sublineolum*, in six locations in Brazil. **In: Resistance of sorghum hybrids to *Colletotrichum sublineolum*: previsibility by lineage progenitor reaction** 2006. p. 27-54. Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Fitopatologia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG*

The objective of this work was to characterize the population of *Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák by evaluating virulence in sorghum elite lineages from the program of breeding of Embrapa Corn and Sorghum, utilized as differentials. Plants were inoculated with 289 single spore isolates obtained from six brazilian locations. Seventy races of the pathogen designated a by binary system, were identified. The population was also characterized for phenotypic diversity based on Shannon, Gleason and Simpson indexes, for complexity, and for its distribution and frequency in the six locations. Only race 31.04 was found in all locations and was the most frequent one in Uberlândia, Ipiáçu and Palmeira de Goiás. The more complex race was 31.31, detected in high frequency in Sete Lagoas and Goiânia, was not present in Palmeira de Goiás. It was observed that the more frequent races in each location were mostly, well dispersed in the six regions. The higher phenotypic diversity was observed in Jardinópolis, as expressed by the Shannon, Simpson and Gleason indexes. The higher complexity of races was found in Sete Lagoas and Goiânia, followed by Jardinópolis, Ipiáçu, Uberlândia and Palmeira de Goiás, respectively. A high correlation between the Shannon and Gleason indexes was observed. No significant correlation was observed, between the diversity and complexity of races.

*Guidance comitee: Hilário Antônio de Castro – UFLA (Advisor), Carlos Roberto Casela – EMBRAPA/ CNPMS (Co - advisor).

1 INTRODUÇÃO

A antracnose do sorgo é a principal e mais devastadora doença que ameaça a produção dessa cultura no Brasil. Ela reduz a produção no campo e é favorecida por condições de umidade e temperaturas altas, podendo provocar perdas severas, mesmo em regiões com breves períodos de chuva, seguida de seca prolongada. A doença tem como agente etiológico *Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák. Este fungo infecta todas as partes da planta, porém, a fase foliar da doença é a mais importante, por reduzir a produção de grãos e de forragem em 50% ou mais, dependendo da severidade da epidemia (Casela et al., 2004; Mathur et al., 2003; Casela et al., 1998; Pande et al., 1994).

Variabilidade em *C. sublineolum* é alta e foi inicialmente demonstrada por Harris & Johnson, em 1967, quando observaram variações no grau de resistência entre as cultivares de sorgo que foram atribuídas à existência de raças na população do patógeno.

No Brasil, a existência de raças fisiológicas de *C. sublineolum* foi demonstrada pela primeira vez por Nakamura (1984), citado por Casela et al. (1992a), quando cinco raças foram identificadas com base na reação diferencial de cinco cultivares de sorgo a isolados do patógeno obtidos de plantas infectadas de diferentes regiões do país. Sete raças foram posteriormente identificadas, tendo por base a reação diferencial de doze cultivares de sorgo, por Ferreira & Casela (1986). Vários outros trabalhos já demonstraram a capacidade adaptativa do patógeno a cultivares geneticamente resistentes, o que diminui a vida útil de híbridos comerciais, resultando em grande prejuízo para produtores e exigindo

maiores esforços de melhoristas e fitopatologistas na busca de soluções para o controle desta doença.

Diante desses fatos, a caracterização da estrutura das diferentes populações do patógeno é uma etapa imprescindível para qualquer trabalho de melhoramento que tenha por objetivo a resistência à antracnose do sorgo. Conhecendo-se a estrutura de virulência, a diversidade fenotípica, a complexidade e a distribuição de raças por região, é possível estabelecer estratégias que limitem a capacidade adaptativa do patógeno e, com isso, diminuir as perdas causadas pela doença.

Foi objetivo deste trabalho caracterizar a população de *Colletotrichum sublineolum* por meio da avaliação da virulência em linhagens elites de sorgo do programa de melhoramento genético da Embrapa/Milho e Sorgo, utilizadas como diferenciadoras.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos nas dependências da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Milho e Sorgo, localizada em Sete Lagoas, MG, no período de julho de 2004 a dezembro de 2005. Foi utilizada a infra-estrutura do Laboratório de Resistência de Plantas a Doenças e casas-de-vegetação.

Para a caracterização da diversidade populacional de *C. sublineolum*, foram utilizadas 10 linhagens elite do programa de melhoramento genético de sorgo da Embrapa Milho e Sorgo, conforme descrito na Tabela 1. Foram testados 289 isolados monospóricos do patógeno obtido em Sete Lagoas, Ipiacũ e Uberlândia, MG, Goiânia e Palmeira de Goiás, GO e Jardinópolis, SP.

TABELA 1: Linhagens de sorgo utilizadas como diferenciadoras para a caracterização de populações de *C. sublineolum*-UFLA, Lavras, 2006.

Linhagens restauradoras ¹	Linhagens macho-estéreis ²
BR009 ³	ATF8A
BR012R	ATF14A
CMSXS180R	ATF54A
CMSXS182R	CMSXS206A
9910032	9409131

¹As linhagens restauradoras correspondem aos machos.

²As linhagens macho-estéreis correspondem às fêmeas e foram utilizadas as mantenedoras B nos experimentos.

³Linhagem padrão de suscetibilidade.

2.1 Obtenção dos isolados de *Colletotrichum sublineolum*

Fragmentos de folhas apresentando sintomas da doença foram esterilizados superficialmente por 2 a 3 minutos em solução de hipoclorito de sódio a 0,5% e plaqueadas em meio de farinha de aveia-ágar (FAA). As placas foram, em seguida, incubadas sob luz fluorescente contínua à temperatura de 25⁰C por 7 a 8 dias. Seguiu-se uma raspagem para a eliminação do crescimento micelial, 5 dias após o isolamento, para a indução de abundante esporulação. Sete dias depois, os conídios foram coletados por meio do corte de fragmentos do meio de cultura e transferidos para tubos de ensaio contendo 9mL de água destilada e esterilizada, seguindo-se uma diluição em série até atingir 10⁴. Em seguida, 1mL da suspensão obtida foi distribuído em três placas de Petri contendo ágar-água (AA) a 2%, as quais foram incubadas a 25⁰C, por 12 horas, para a indução de germinação. Culturas monospóricas foram, então, obtidas por meio da coleta de um conídio ao microscópio de luz. O conídio foi coletado pelo corte de um fragmento correspondente ao foco de luz do microscópio com peça desenvolvida especificamente para este fim. Os isolados transferidos para tubos de ensaio contendo FAA foram incubados sob luz contínua por, aproximadamente, 7 dias, quando adicionou-se óleo mineral para sua conservação até o momento de uso.

2.2 Produção e preparo de inóculo

Os isolados monospóricos foram transferidos do óleo mineral para placas de Petri com meio FAA e mantidos sob luz contínua por 7 a 8 dias. Para indução de abundante esporulação, realizou-se raspagem micelial aos 5 dias de crescimento e, após 5 a 6 dias, os isolados foram repicados para placas contendo meio FAA. O mesmo procedimento foi adotado para as placas contendo o fungo em crescimento para a indução da esporulação necessária ao preparo de inóculo. Cinco dias após, as placas de cada isolado foram inundadas com água destilada e

raspadas com uma espátula para a liberação de conídios e contagem em câmara de Neubauer para padronizar a concentração de inóculo para 10^6 conídios/mL.

As plantas de cada linhagem foram inoculadas aos 28 dias após o plantio, com a suspensão de esporos do patógeno na proporção de 10mL/vaso. Após a inoculação, as plantas foram mantidas em câmara úmida por 18 horas, a uma temperatura média de 25°C . Os tratamentos foram delineados em parcelas subdivididas com os isolados nas parcelas e cultivares nas subparcelas, com três repetições. Um vaso com 5 a 6 plantas caracterizou uma repetição.

2.3 Avaliação

As plantas foram avaliadas para o tipo de infecção aos 12 dias após a inoculação, utilizando-se uma escala de notas com valores de 1 a 5, conforme Cardwel et al. (1989), em que: 1 - presença de pequenas pontuações necróticas, 2 - presença de pequenas manchas avermelhadas, 3 - lesões necróticas, algumas vezes alongadas, mas, sem a presença de esporulação, 4 - lesões necróticas com a presença de acérvulos no centro e 5 - lesões necróticas, algumas vezes coalescidas, com a presença de abundante esporulação.

Duas classes de reação foram consideradas: R = reação de resistência, incluindo as notas 1, 2 e 3 e S = reação de suscetibilidade, incluindo as notas 4 e 5.

2.4 Análise e interpretação dos resultados

As notas transformadas em reação (susceptível ou resistente) designaram raças do fungo segundo o sistema binário utilizado por Nietsche et al. (2001).

Cada linhagem componente da série diferencial recebeu um número binomial, iniciado por 1 para as duas primeiras linhagens que separam os dois grupos (restauradoras + BR009 e macho-estéreis). Reações de suscetibilidade

das diferenciadoras para um mesmo isolado foram então somadas, de acordo com a numeração da linhagem, originado o nome da raça, conforme demonstrado na Tabela 2.

TABELA 2: Exemplo da metodologia de denominação de raças de *C. sublineolum*, utilizando sistema binário e 10 linhagens de sorgo.UFLA. Lavras-MG, 2006.

	Nº binomial	Isolado 1	Isolado 2...	Isolado N
BR009	1	S	S	S
BR012R	2	R	S	S
CMSXS180R	4	R	S	S
CMSXS182R	8	R	S	S
9910032	16	R	S	S
ATF8A	1	R	R	S
ATF14A	2	R	R	S
ATF54A	4	R	S	S
CMSXS206	8	R	R	S
9409131	16	R	R	S
Nome da Raça		01.00	31.04	31.31

R = resistente e S= suscetível

A diversidade fenotípica de cada subpopulação foi calculada por meio dos índices de Shannon, Simpson e Gleason, conforme Groth & Roelfs (1987) e a complexidade segundo Andrivon & Vallavieille-Pope (1995). As fórmulas de cada índice seguem descritas abaixo:

Shannon: $Sh = - \sum p_i \ln(p_i)$

em que: p_i é a frequência da raça i na população

Simpson: $Si = \sum [n_i(n_i - 1) / N(N - 1)]$

em que: n_i é o número de isolados pertencentes à raça i .

N é o tamanho da amostra.

Gleason: $Gl = (r - 1) / \ln(N)$

em que: r é o número de fenótipos distintos na amostra;

N é o número de indivíduos na amostra.

O índice de complexidade é baseado na frequência relativa do fenótipo na amostra e o seu número de virulências e é calculado pela fórmula:

$$C_i = \sum (p_i \cdot v_i)$$

em que: p_i é a frequência da raça na amostra e v_i é o número de virulências da raça.

Índices de diversidade são usados para descrever a diversidade intra-específica de raças em populações de diversos patógenos. Os índices de Shannon e Simpson são baseados na frequência relativa dos diferentes fenótipos do patógeno e medem o número de fenótipos distintos na amostra e a uniformidade da sua distribuição. Para se comparar duas populações de tamanho variável, e que aparentemente não diferem entre si quanto ao grau de dominância dos fenótipos ou quanto ao número de fenótipos, o índice de Shannon pode ser a melhor escolha. Porém, se o interesse é verificar primeiramente o grau de dominância de determinadas raças na população, recomenda-se usar o índice de Simpson que é mais sensível que o índice de Shannon, embora ambos sejam aceitáveis. Já o índice de Gleason se baseia apenas no número de fenótipos diferentes obtidos em relação a um determinado número de isolados (Kolmer, 1991a; Groth & Roelfs, 1987).

O índice de complexidade, que se baseia na frequência relativa e número de virulência de determinada amostra, possibilita analisar a população quanto à adaptação aos genótipos da cultura em diferentes regiões de plantio.

Realizou-se a análise de correlação simples e aplicação do teste T, a 5% e 1% de probabilidade, entre índices de diversidade e entre os mesmos e o índice de complexidade. Utilizou-se o programa estatístico Assistat, desenvolvido por Silva (2002).

As raças foram analisadas também quanto as suas distribuição, frequência e virulência nos locais de amostragem do patógeno. A porcentagem

de virulência foi calculada distribuindo-se em faixas de 1 a 3, 4 a 6 e 7 a 10 virulências e dividindo-se o total de raças, dentro de cada faixa, pelo número total de raças identificadas nas seis populações.

3 RESULTADOS

Foram detectadas 70 raças de *C. sublineolum*, entre os 289 isolados monospóricos testados nas 10 linhagens diferenciadoras, em casa - de - vegetação, tendo sido identificadas 21 raças em Sete Lagoas, 24 em Uberlândia, 20 em Ipiacu, 18 em Goiânia, 10 em Palmeira de Goiás e 32 em Jardinópolis. As reações dos genótipos testados encontram-se descritas nas tabelas 1A a 6A.

Do total de 70 raças, 46 delas foram encontradas somente em uma localidade e apenas uma esteve presente em todas as localidades (Tabela 3). As raças mais freqüentes em relação ao total de isolados testados foram: 31.04 (11,07%), 31.31 (10,73%), 31.15 (8,30%), 31.12 (6,92%), 31.00 (5,54%) e 29.31 (4,15%).

A raça mais complexa detectada foi a 31.31, correspondente a 10,73% dos isolados testados, virulenta a todos as linhagens diferenciadoras e encontrada em Sete Lagoas, Uberlândia, Ipiacu, Goiânia e Jardinópolis. Esta raça apresentou a maior freqüência em Sete Lagoas e Goiânia, correspondendo a 28,00% e 25,53% do total de isolados testados para cada localidade, respectivamente. Nas outras localidades, apesar de ter sido detectada, esta raça apresentou baixa freqüência. (Tabela 3).

A raça 31.04 foi a única encontrada em todos os locais avaliados e a mais freqüente em Uberlândia (20%), Ipiacu (18,52%) e Palmeira de Goiás (21,05%). Em Sete Lagoas, esta raça apresentou a terceira maior freqüência e em Goiânia e Jardinópolis, sua freqüência foi baixa.

A raça 31.15 apresentou a segunda maior freqüência em Sete Lagoas, Uberlândia e Goiânia, e apenas em Palmeira de Goiás sua presença não foi detectada. A raça 31.12 também não foi detectada em Palmeira de Goiás e apresentou a terceira maior freqüência em Uberlândia, Ipiacu Goiânia e

Jardinópolis (Tabela 3). Em Jardinópolis, a raça mais freqüente foi a 29.31, correspondendo a 17,39% dos 69 isolados testados neste local, seguida pelas raças 29.29 e 29.28, ambas com freqüência de 8,70%.

Observou-se, pela distribuição das raças em cada localidade e pelas faixas de virulência, que aquelas com espectro de virulência intermediário e amplo prevaleceram em relação às de menor virulência (Tabela 4, Figura 1).

A maior diversidade, de acordo com os índices de Shannon, Simpson e Gleason, foi encontrada em Jardinópolis, SP, com valores de 3,114, 0,949 e 7,321, respectivamente. Uberlândia foi o segundo local com a maior diversidade, com valores de 2,814, 0,940 e 5,624, para os índices de Shannon, Simpson e Gleason, respectivamente (Tabela 5, Figura 2). Em Sete Lagoas, Ipiaçu, Goiânia e Palmeira de Goiás, a diversidade medida pelos diferentes índices apresentou variação de local para local. Conforme estes índices, as populações de Sete Lagoas e Goiânia possuem um menor número de fenótipos distintos e algumas raças dominantes na população em relação às outras. Em Uberlândia e Ipiaçu, há um menor número de fenótipos distintos na amostra e que estão mais uniformes quanto à freqüência na população. Já, Palmeira de Goiás possui um pequeno número de fenótipos distintos, mas, com algumas raças dominantes na população. A população de Jardinópolis possui um grande número de fenótipos distintos, segundo o índice de Gleason, mas com maior dominância de algumas raças sobre as outras, segundo os índices de Shannon e Simpson. Com relação à complexidade das raças identificadas, Sete Lagoas e Goiânia foram os locais com maior predominância de raças de alta complexidade, conforme expresso pelo índice de complexidade, embora não apresentassem alta diversidade, conforme expresso pelos valores de Shannon, Simpson e Gleason (Tabela 5).

TABELA 3: Distribuição e frequência de 70 raças de *C. sublineolum* em seis localidades no Brasil. UFLA. Lavras- MG, 2006.

Raças	Sete Lagoas	Uberlândia	Ipiacu	Goiânia	P.de Goiás	Jardinópolis	Nº isolados	de	Fr. ²
01.00		2		1		1	4		1,38
01.12					1	1	1		0,35
03.00							1		0,35
05.00	1 ¹						1		0,35
05.16						1	1		0,35
05.28			1			1	1		0,35
07.04							1		0,35
09.12						1	1		0,35
11.00		1					1		0,35
13.02		1					1		0,35
13.08						1	1		0,35
15.00		1	1				1		0,35
15.04		2	1				3		1,04
15.06			2				1		0,35
15.12					1		2		0,69
15.20							1		0,35
17.00		1					1		0,35
17.12		1					1		0,35
21.04						1	1		0,35
21.13		2					2		0,69
21.16						1	1		0,35
21.24						1	1		0,35
21.28						4	4		1,38
23.00	1		1				1		0,35
23.04					1	1	2		0,69
23.08					4		1		0,35
23.12		1					5		1,73
23.14		2					2		0,69
23.21	1						1		0,35
23.22	1				1		1		0,35
23.31							1		0,35
25.00						1	1		0,35
25.30						1	1		0,35
27.04		1		1			2		0,69
29.00	1						1		0,35

“...continua...”

“TABELA 3, Cont...”

Raças	Sete Lagoas	Uberlândia	Ipiacu	Goiânia	P.de Goiás	Jardinópolis	Nºde isolados	Fr. ²
29.04	1 ¹	1				1	3	1,04
29.06						1	1	0,35
29.12	1	1				3	5	1,73
29.15		1					1	0,35
29.16						1	1	0,35
29.20						2	2	0,69
29.23						2	2	0,69
29.24						2	2	0,69
29.28		1	1			6	8	2,77
29.29						6	6	2,08
29.30						3	3	1,04
29.31						12	12	4,15
31.00		2	9	1	4		16	5,54
31.02			1	1			2	0,69
31.04	5	10	10	1	4	2	32	11,07
31.05	3						3	1,04
31.06			2		3	1	6	2,08
31.07	2		1	2	2		7	2,42
31.08			4				4	1,38
31.09			1			1	2	0,69
31.10				1			1	0,35
31.11				1			1	0,35
31.12	2	4	5	5		4	20	6,92
31.13	1		5	2	1		9	3,11
31.14	1		3	2			6	2,08
31.15	6	5	3	9		1	24	8,30
31.16	1		1				2	0,69
31.20		1			1		2	0,69
31.21		1			1		2	0,69
31.22	1				1		2	0,69
31.23	4			1	1		6	2,08
31.28	1	2	1			2	6	2,08
31.29		2					2	2,08
31.30	1	2		1		2	6	2,08
31.31	14	3	1	12		1	31	10,73

¹Número de isolados detectados. ²Frequência da raça em relação ao total de isolados testados que equivale a 289.

TABELA 4: Porcentagem de raças de *C. sublineolum* detectadas em seis populações, em função de faixas de virulência. UFLA-Lavras, 2006.

Faixas de virulência e porcentagem na população		
Faixa de virulência	Número de raças	%
1 a 3	8	11,43
4 a 6	33	47,14
7 a 10	29	41
Total	70	100

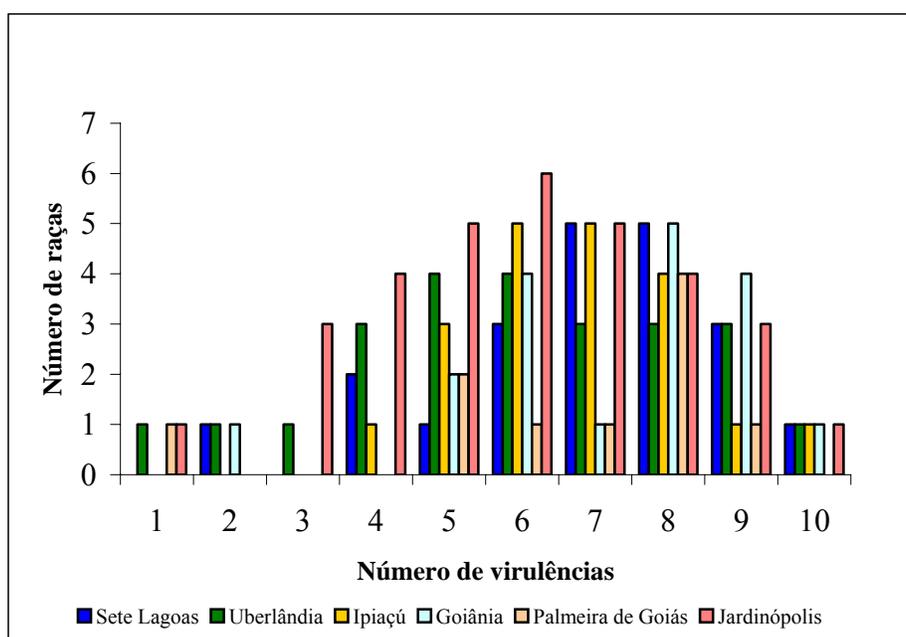


FIGURA 1: Distribuição do número de virulências de *C. sublineolum* em seis regiões de cultivo de sorgo no Brasil. UFLA. Lavras-MG. 2006.

TABELA 5: Índices de diversidade fenotípica e complexidade de 70 raças de *C. sublineolum*, obtidas em seis localidades. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Localidade	Tipo de índice				Nº de raças
	Índice de diversidade de Shannon	Índice de diversidade de Simpson	Índice de diversidade de Gleason	Índice de Complexidade	
Sete Lagoas	2,565	0,896	5,112	8,000	21
Uberlândia	2,814	0,940	5,624	6,360	24
Ipiaquê	2,622	0,920	4,763	6,560	20
Goiânia	2,407	0,888	4,415	8,000	18
P. de Goiás	2,111	0,906	3,057	6,317	10
Jardinópolis	3,114	0,949	7,321	6,880	32

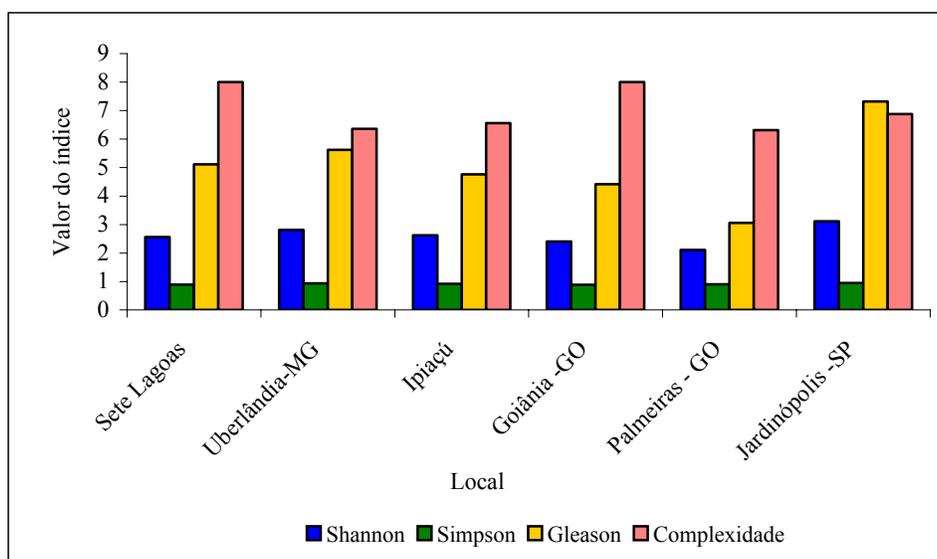


FIGURA 2: Índices de diversidade e de complexidade de *C. sublineolum* em seis regiões de cultivo de sorgo no Brasil. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Não houve correlação entre os índices de diversidade e o de complexidade. Houve correlação positiva entre os índices de Shannon e Gleason a 1% de probabilidade. As demais correlações entre os índices de diversidade, apesar de positivas, não foram significativas (Tabela 6).

TABELA 6: Correlação linear simples entre Índices de diversidade e complexidade. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Correlação	Coefficiente de correlação (r)	Significância
Complexidade × Shannon	-0.07	ns
Complexidade × Simpson	-0.65	ns
Complexidade × Gleason	0.05	ns
Shannon × Simpson	0.78	ns
Shannon × Gleason	0.98	**
Simpson × Gleason	0.72	ns

** significativo pelo teste T a 1% de probabilidade, ns = não significativo.

4 DISCUSSÃO

Os resultados obtidos a partir dos índices de diversidade fenotípica, e de complexidade e da distribuição das raças mostraram a existência de diferenças na estrutura populacional do patógeno em cada localidade. A melhor caracterização da população poderia ser alcançada se a amostragem fosse realizada em épocas diferentes durante o ciclo da cultura, e que a variação no tamanho das amostras fosse a menor possível. Esta medida deve ser tomada para que a diversidade não sofra influência da variação no tamanho da população entre localidades. Neste trabalho, foram realizadas coletas nos anos de 2004 e 2005. As amostras de Sete Lagoas, Goiânia, Uberlândia e Palmeira de Goiás foram coletadas em 2004, a amostra de Jardinópolis foi coletada parte em 2004 e parte em 2005, e somente Ipiacu teve toda sua amostragem coletada no ano de 2005. Deve-se ressaltar que a amostragem em Palmeira de Goiás foi composta por apenas 19 isolados, devido a um período de seca no ano de 2005, que impediu que nova amostragem fosse realizada.

Algumas considerações devem ser feitas quanto aos índices de diversidade e seu uso. O índice de Gleason informa sobre o número de fenótipos distintos na amostra, mas, não possibilita definir se essa população tem uma distribuição mais uniforme quanto à frequência das raças, como podem informar os índices de Shannon e Simpson. Ainda, o fato do índice de Shannon sofrer menor influência da variação no tamanho da amostra que os outros dois faz com este seja recomendado em trabalhos nos quais esta variação ocorre, enquanto o índice de Simpson pode informar mais claramente sobre a dominância na frequência de algumas raças na população ou se as raças estão bem distribuídas. Se o valor estiver próximo de 0, a maioria das raças está em baixa frequência na população e, quanto mais próximo de 1, significa que algumas raças aparecem

em maior frequência na população em relação à maioria identificada. A utilização de mais de um índice de diversidade para a caracterização da população do patógeno é, portanto, recomendável, visto que cada um responde mais sensivelmente a determinada característica da população, como visto anteriormente.

Resultado semelhante em relação ao número de raças identificadas neste trabalho foi obtido por Casela et al. (2004), quando os autores avaliaram 314 isolados monospóricos do patógeno, coletados em Sete Lagoas, MG, Cravinhos, SP e Pelotas, RS, nos anos de 1999 e 2000, e encontraram 75 fenótipos diferentes. Os autores verificaram que 16 fenótipos ocorreram nos dois anos de coleta e que somente seis raças corresponderam a 68% do total de isolados testados, ou seja, prevaleceram na população do patógeno e quatro foram detectados em todos os locais. No presente trabalho, também seis isolados foram mais comuns, porém a porcentagem destes sobre o total de isolados correspondeu a 46,71%, valor 21,29% menor que o apresentado pelos citados autores. Em contraste com o trabalho anteriormente citado, em que 4 raças apareceram em todos os locais, neste, somente a raça 31.04 ocorreu em todas as localidades. Porém, este resultado pode ser devido à pequena amostragem de Palmeira de Goiás, que pode ter limitado a detecção real dos fenótipos presentes no local. Um aumento na proporção do fenótipo mais comum também foi verificado em comparação com o fenótipo mais comum do trabalho anterior que foi 9,55% do total de isolados, enquanto que, neste trabalho, a porcentagem foi de 11,07%, sugerindo que este fenótipo está bem adaptado à população do patógeno.

Esta diferença na diversidade pode ser uma resposta do patógeno à população do hospedeiro em cada local e a uma especialização das raças para as áreas epidemiológicas avaliadas. Em Jardinópolis, os isolados do patógeno foram coletados dentro da área experimental da Dow Agrosiences, em

genótipos da empresa e os isolados certamente refletiram a diferença na base genética entre os genótipos do hospedeiro da Dow e da Embrapa. Supõe-se, então, que se fossem utilizados genótipos da Dow para a caracterização da população, poderia haver uma maior complexidade e uma menor diversidade, pois, neste local, as raças estariam mais adaptadas aos genes de resistência dos genótipos desta empresa. Em Uberlândia, Ipiacu e Palmeira de Goiás, os isolados foram amostrados em material da Embrapa, mas, em genótipos diferentes dos utilizados neste trabalho, o que também explica a variação entre a diversidade entre locais.

Quanto ao índice de complexidade, os resultados sugerem que, pelo menos em Sete Lagoas, raças mais complexas estariam bem adaptadas e que este alto índice pode ser resultado da resposta do patógeno a uma maior diversidade genética do hospedeiro, dado o grande número de genótipos de sorgo presentes a cada ano na área experimental da Embrapa Milho e Sorgo. Provavelmente, essa alta diversidade genética no hospedeiro fez com que esses genes para virulência se tornassem necessários na população do patógeno e a seleção direcional estaria atuando de maneira a mantê-los. Esta seria uma vantagem para o patógeno, pois estes genes acabariam se fixando na população em substituição às raças menos complexas, o que explica a menor diversidade neste local e em Goiânia, onde os genótipos testados são oriundos de Sete Lagoas. Neste caso, é possível que a seleção direcional esteja atuando em favor de raças mais complexas, portanto, mais adaptadas às linhagens resistentes. Para as outras localidades, onde houve pouca diferença entre o valor dos índices de complexidade, a seleção estabilizadora pode estar atuando com mais força. Além disso, a diversidade genética do hospedeiro provavelmente é menor. Uma outra provável explicação para a provável adaptação das raças mais complexas é que, na ausência de recombinação genética em *C. sublineolum*, que é um patógeno de reprodução basicamente assexuada, um gene de virulência desnecessário pode ter sua

proporção aumentada na população do patógeno, por estar ligado a outro gene de virulência sob pressão de seleção ou estar associado a genes responsáveis por maior agressividade, ou seja, os efeitos deletérios resultantes da virulência desnecessária podem ser anulados pela ação da seleção sobre combinações favoráveis de genes para sobrevivência (Casela et al., 1998a; Casela et al., 1996; Brown, 1990; Vanderplank, 1982). De acordo com Brown (1995), a adaptação do patógeno à resistência do hospedeiro pode resultar da rápida multiplicação de um único indivíduo com os fatores de virulência correspondentes ou de uma série de indivíduos geneticamente distintos, tendo em comum os referidos genes de virulência. Casela (1992b) verificou alta variabilidade apresentada por *C. sublineolum* em avaliação de isolados monospóricos por marcadores moleculares RAPD e sugere que a segunda hipótese de Brown, talvez, explique a adaptabilidade do patógeno nas condições brasileiras.

Uma maior predominância de raças mais simples em relação a raças mais complexas foi verificada por Casela et al. (2001), em estudo sobre a capacidade competitiva entre raças deste patógeno em misturas, indicando a possibilidade de influência da virulência na habilidade adaptativa de raças deste patógeno. Considerando-se que o acúmulo de virulência desnecessária resulta em custo adaptativo para o patógeno (Vanderplank, 1984), indivíduos com menor número de genes de virulência, equivalentes aos genes de resistência do hospedeiro, estariam mais aptos a predominar na população do patógeno. De acordo com Costa (2004), entretanto, em populações hospedeiras mais complexas, há uma tendência à predominância de fenótipos mais complexos. Os resultados deste trabalho podem ser explicados, pelo menos em parte, por estas hipóteses, visto que, apesar das raças de maior complexidade estarem em alta frequência, muitas raças de baixa complexidade também foram identificadas em todos os locais. Tal fato leva à conclusão de que a seleção estabilizadora esteja atuando, em menor intensidade que a seleção direcional, para que seja mantido

um equilíbrio na população do patógeno, contra uma possível extinção dos fenótipos menos virulentos, conforme sugere Kolmer (1991b).

A alta frequência de raças complexas identificadas neste trabalho implica na ocorrência de associações positivas de virulência às linhagens utilizadas como diferenciadoras o que seria fator limitante para sua utilização em programas de melhoramento genético para a obtenção de resistência a este patógeno. Segundo Casela et al. (1998a), esta situação é observada com frequência na população de *C. sublineolum* e é consequência da capacidade adaptativa do fungo, o que tem limitado o uso da resistência vertical para o manejo do patógeno.

Muitas raças estiveram presentes em mais de um local e é necessário buscar informações a respeito da origem de tais raças em cada população. Estas raças podem ter se originado a partir de uma pequena população que evoluiu em resposta a genótipos de sorgo comuns a cada região e também à ocorrência de fluxo gênico entre as populações. A ocorrência de fluxo gênico é provável, visto que o fungo pode ser transportado via sementes, como relatado por Cardwel et al. (1989) e não há fiscalização sanitária entre regiões. Caso isto esteja ocorrendo, raças podem ser levadas de uma região para outra e favorecerem a quebra da resistência de cultivares em locais onde não estava presente. Isto é possível na medida em que a base genética das cultivares melhoradas é restrita a poucos genes de resistência. Apesar de existir esta possibilidade, Rosewich et al. (1998), utilizando marcadores RFLP em estudo da estrutura genética do patógeno, sugerem que o fluxo gênico e a deriva genética não foram os principais fatores a contribuir para a estrutura genética das populações, mas sim a reprodução assexuada. A utilização de marcadores moleculares pode auxiliar no estudo sobre a origem de diferentes populações e ainda em determinar se a resistência será quebrada, quando associada a mudanças correspondentes na estrutura da população do patógeno.

Para diminuir os riscos de introdução de isolados virulentos, recomenda-se que sementes “limpas” sejam utilizadas para transporte, ou seja, tratadas. Informações a respeito da população presente em hospedeiras alternativas, como *Sorghum halepense* e *Sorghum verticilliflorum*, no Brasil, próximo às áreas de plantio, constitui um aspecto que deve ser considerado.

Apesar da alta diversidade apresentada pelo patógeno, existem limites à capacidade adaptativa de *C. sublineolum* a resistência genética no hospedeiro, como verificado em trabalhos sobre a associação de virulência do patógeno. Informações da diversidade populacional deste patógeno são importantes, portanto, para se prever, por meio de sua virulência a genótipos progenitores, quais cruzamentos poderiam gerar híbridos resistentes à determinada raça, ou para se definir estratégias que sejam eficientes no manejo da antracnose.

5 CONCLUSÕES

1. Raças de *C. sublineolum* encontram-se bem distribuídas nas seis localidades avaliadas e existem peculiaridades quanto à diversidade em cada área epidemiológica.

2. A maior diversidade ocorreu em Jardinópolis e a raça mais complexa desta localidade foi 31.29. A raça 31.04 foi a única detectada em todos os locais avaliados e apresentou a maior frequência em Palmeira de Goiás, Uberlândia e Ipiacu. A raça mais complexa, 31.31, foi detectada em cinco locais e foi a mais frequente em Sete Lagoas e Goiânia.

3. As raças mais complexas, aparentemente, estão bem adaptadas em Sete Lagoas e mostram tendência de aumento em frequência em todos os locais avaliados.

4. A diversidade fenotípica não foi correlacionada com a complexidade em nenhum local e, portanto não implica em maior complexidade de raças.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANDRIVON, D.; DE VALLAVIEILLE-POPE, C.R. Race diversity and complexity in selected populations of fungal biotrophic pathogens of cereals. **Phytopathology**, v. 85, p. 897-905, 1995.
- BROWN, J.K.M. Structure and evolution of a population of *Erysiphe graminis* f. *tritici*. **Plant Pathology**, v.39, p.376-390, 1990.
- BROWN, J.K.M. Recombination and selection in population pathogens. **Plant Pathology**, v.44, p.279-293, 1995.
- CARDWEL, K.F.; HEPPERLY, P.R.; FREDERIKISEN, R.A. Pathotypes of *Colletotrichum graminicola* and transmission of sorghum anthracnose. **Plant Disease**, v.73, p.255-257, 1989.
- CASELA, C.R. **Investigations on the variability of the sorghum anthracnose fungus *Colletotrichum graminicola***. 1992b. 166p. Dissertation (Ph. D.)-Texas A M University, Texas.
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; BRANCAO, N. Variabilidade e estrutura de virulência em *Colletotrichum graminicola*. **Fitopatologia Brasileira**, v,21, n.3, p.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**, v.23, n.2, p.143-146, 1998.
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; SANTOS, F.G. Differences in competitive ability among races of *Colletotrichum graminicola* in mixtures. **Fitopatologia Brasileira**, v.26, n.2, p.217-219, 2001.
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; SCHAFFERT, R.E. Physiological races of *Colletotrichum graminicola* in Brazil. In: MILLIANO, W.A.J.; FREDERIKSEN, R.A.; BENGSTRON, G.D. (Ed.). **Sorghum and millets: a second world review**. Pantacheru, A.P: India: International Crops Research Institute for Semi-Arid Tropics. 1992a. p.209-212.

CASELA, C.R.; SANTOS, F.G.; FERREIRA, A.S. Race diversity and complexity in populations of the sorghum anthracnose fungus *Colletotrichum graminicola*. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.3, n.1, p.30-37, 2004.

COSTA, R.V. da. **Estudo da herança e manejo da antracnose do sorgo por meio da diversificação da população hospedeira**. 2004. 98f. Tese (Doutorado em Fitopatologia)-Faculdade de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa, 2004.

FERREIRA, A.S.; CASELA, C.R. Raças patogênicas de *C. graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo (*Sorghum bicolor*). **Fitopatologia Brasileira**, v.11, p.83-87, 1986.

GROTH, J.V.; ROELFS, P.A. The concept and measurement of phenotypic diversity in *Puccinia graminis* on Wheat. **Phytopathology**, v.77, n.10, p.395-1399, 1987.

HARRIS, H.B.; JONHSON, R. Sorghum anthracnose symptoms, importance and resistance. In: BIEN GRAIN SORGHUM RES. AND UTIL. CONF., 5th., 1967, Lubbock, Texas. **Proceedings...** Lubbock: Lubbock, Texas: Grain Sorghum Producers Assoc, 1967. p.48-52.

KOLMER, J.A. Phenotypic diversity in two populations of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in Canada during 1931-1987. **Phytopathology**, v.81, n.3, p.311-315, 1991a.

KOLMER, J.A. Evolution of distinct populations of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in Canada. **Phytopathology**, v.81, n.3, p.316-322, 1991b.

MATHUR, K. et al. Sorghum anthracnose- problem and management strategies. In: GLOBAL 2000: SORGHUM AND MILLET DISEASES 3., 2000, Guanajuato. **Proceedings...** Instomil: Sorghum and Millet International Research, 2003.

NIETSCHKE, S. A.; et al. Genetic diversity of *Phaeoisriopsis griseola* in the State of Minas Gerais, Brazil. **Euphytica**, v.117, p.77-84, 2001.

PANDE, S. et al. Development of screening methods and identification of stable resistance to anthracnose in sorghum. **Field Crops Research**, v.38, p.157-166, 1994.

ROSEWICH, U.L. et al. Genetic structure and temporal dynamics of a *Colletotrichum graminicola* population in a sorghum disease nursery. **Phytopathology**, v.88, n.10, p.1087-1093, 1998.

SOUZA e SILVA, F.A. Versão do programa computacional Assistat para o sistema operacional Windows. **Revista Brasileira de Produtos Agroindustriais**, Campina Grande, v.4, n.1, p.71-78, 2002.

VANDERPLANK, J.E. **Host-pathogen interaction in plant disease**. New York: Academic, 1982, 207p.

VANDERPLANK, J.E. **Disease resistance in plants**. New York: Academic, 1984. 194p.

**CAPÍTULO 2: ASSOCIAÇÕES DE VIRULÊNCIA EM *Colletotrichum
sublineolum* À RESISTÊNCIA GENÉTICA EM COMBINAÇÕES DE
LINHAGENS PROGENITORAS DE SORGO**

RESUMO

SILVA, Dagma Dionísia da. Associações de virulência de *Colletotrichum sublineolum* à resistência genética em combinações de linhagens progenitoras de sorgo. **In: Resistência de híbridos de sorgo a *Colletotrichum sublineolum*: previsibilidade por meio da reação de linhagens progenitoras** 2006. p. 55-76. Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Fitopatologia)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG*

Os objetivos deste trabalho foram avaliar a reação de linhagens elites de sorgo a diferentes populações de *Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák e identificar combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis capazes de gerar híbridos de alta resistência à antracnose. Quatro linhagens restauradoras (R) e cinco linhagens macho-estéreis (A), utilizadas pelo programa de melhoramento de sorgo da Embrapa Milho e Sorgo, foram caracterizadas quanto à reação a 289 isolados do patógeno. Dados de frequência de virulência a cada genótipo de sorgo foram utilizados para o cálculo de um coeficiente de associação de patogenicidade (CAP) e de um coeficiente de associação de virulência (CAV) para identificar combinações com capacidade para gerar híbridos potencialmente possuidores de alta resistência. Observou-se um alto grau de associação de virulência entre as linhagens restauradoras, ou seja, houve associação positiva de virulência a estas linhagens, em todas as localidades amostradas. Situação oposta ocorreu com relação à virulência às linhagens macho-estéreis, em que, muitas combinações apresentaram associação negativa de virulência. A linhagem restauradora BR012R e as macho-estéreis ATF8A; ATF14A e 9409131 apresentaram o maior potencial para gerar híbridos de alta resistência, caso sejam utilizadas para a geração de híbridos.

*Comitê orientador: Hilário Antônio de Castro–UFLA (Orientador), Carlos Roberto Casela–EMBRAPA/Milho e Sorgo (Co-orientador).

ABSTRACT

SILVA, Dagma Dionísia da. Virulence associations in *Colletotrichum sublineolum* to genetic diversity in combinations of sorghum progenitor lineages. **In: Resistance of sorghum hybrids to *Colletotrichum sublineolum*: previsibility by lineage progenitor reaction** 2006. p. 55-76. Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Fitopatologia)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG*

The objectives of this work were to evaluate the reaction of sorghum elite lines against different *Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák populations and to identify combinations of restorer (R) and male-sterile(A) elite lines capable to generate hybrids with high resistance to anthracnose. Four (R) and five (A) lines utilized by the sorghum breeding program of Embrapa Maize and Sorghum Research Center, were characterized for reaction to 289 isolates the pathogen. Data of frequency of virulence to each genotype of sorghum were utilized for calculation of a pathogenicity association coefficient (PAC) and a virulence association coefficient (VAC) to identify combinations potentially able to generate hybrids with high and durable resistance to the pathogen. A high degree of virulence association between the R lines was observed in all locations. An opposite situation occurred in relation to the A lines, for which most combinations presented a negative virulence association. The R line BR012R and the A lines ATF8; ATF14 and 9409131 showed high potential to generate hybrids of high resistance, in the case they are used to generate hybrids.

*Guidance comitee: Hilário Antônio de Castro – UFLA (Advisor), Carlos Roberto Casela – EMBRAPA/ CNPMS (Co - advisor).

1 INTRODUÇÃO

A antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák, é a doença mais severa a afetar a cultura do sorgo no Brasil e está presente em todas as regiões de plantio desta gramínea no país. A doença causa perdas significativas à produção, especialmente quando ocorrem condições de alta umidade associadas a temperaturas elevadas. O seu controle é considerado prioritário pela indústria de produção de sementes, uma vez que as perdas na produtividade podem ser superiores a 80%, além de causarem esterilidade parcial de panículas e afetar drasticamente a qualidade das sementes. O seu controle é também fundamental para permitir uma possível expansão da área de plantio com a cultura no país. O método mais eficiente de controle da doença é a utilização de cultivares resistentes. Esta alternativa tem como entrave a alta variabilidade apresentada pelo patógeno, a qual possibilita sua rápida adaptação às variedades e híbridos comerciais resistentes pelo surgimento de novas formas de virulência em sua população (Guimarães et al., 1999; Casela et al., 1998; Casela & Ferreira, 1987).

Várias estratégias visam ao manejo da resistência genética a doenças causadas por patógenos de alta variabilidade, de modo a aumentar a sua durabilidade e a sua estabilidade. Dentre essas, a formação de pirâmides de genes de resistência tem sido amplamente utilizada. No entanto, para que se obtenham melhores resultados com esta estratégia, é importante que, além de se conhecer a dinâmica do patógeno, sejam identificadas combinações de genótipos de sorgo para as quais a virulência associada em suas diferentes populações implique em um custo à capacidade de sobrevivência do patógeno (Vanderplank, 1984; Alexander et al., 1984; Browder & Eversmeyer, 1977;

Lebeda, 1981). O aspecto mais importante no uso de tal estratégia é o benefício que ela pode trazer aos produtores e à indústria de sementes, pela redução dos riscos de perdas trazidas por alterações na população do patógeno que resultem em quebra da resistência.

Os objetivos deste trabalho foram avaliar a reação de linhagens elites de sorgo a diferentes populações de *C. sublineolum* e identificar combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis capazes de gerar híbridos de alta resistência à antracnose.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos nas dependências da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (EMBRAPA-CNPMS), localizada em Sete Lagoas, MG, no período de julho de 2004 a dezembro de 2005. Foi utilizada a infra-estrutura do Laboratório de Resistência de Plantas a Doenças e casas-de-vegetação da Embrapa Milho e Sorgo.

Foram avaliadas 10 linhagens elites do programa de melhoramento genético de sorgo da EMBRAPA-CNPMS, as quais foram inoculadas com 289 isolados monospóricos do patógeno obtidos nas localidades de Sete Lagoas, Uberlândia e Ipiacu, MG, Goiânia e Palmeira de Goiás, GO, e Jardinópolis, SP. Essas linhagens foram também utilizadas para a geração de híbridos de sorgo, conforme descrito na Tabela 1.

TABELA 1: Linhagens restauradoras (R) e macho-estéreis (A) e os respectivos híbridos gerados pelos cruzamentos de A e R. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Restauradoras	Macho-estéreis ²				
	ATF8A	ATF14A	ATF54A	CMSXS206A	9909131A
BR012R	0009060 ³	009061	0009055	0226001	0303001
CMSXS180R	9920044	9920045	9920038	0304023	9920008
CMSXS182R	0021059	0021060	00211054	0227003	9817026
9910032R	0144013	0144015	0144007	0306034	0306004

1/ As restauradoras correspondem aos machos e são designadas pela letra R.

2/ As macho-estéreis correspondem às fêmeas e são designadas pela letra A. Nas avaliações foram utilizadas as linhagens mantenedoras (B).

3/ Os híbridos (centro da tabela) foram gerados pelo cruzamento das linhagens A e R.

2.1 Obtenção dos isolados de *Colletotrichum sublineolum*

Fragmentos de folhas apresentando sintomas da doença foram esterilizados superficialmente por 2 a 3 minutos em solução de hipoclorito de sódio a 0,5% e plaqueados em meio de farinha de aveia-agar (FAA). As placas foram, em seguida, incubadas sob luz fluorescente contínua à temperatura de 25⁰C por 7 a 8 dias. Seguiu-se uma raspagem superficial para a eliminação do crescimento micelial da colônia, 5 dias após o isolamento, para a indução de abundante esporulação. Sete dias após, os conídios foram coletados por meio do corte de fragmentos do meio de cultura e transferidos para tubos de ensaio contendo 9mL de água destilada e esterilizada, seguindo-se uma diluição em série até atingir 10⁴. Em seguida, 1mL da suspensão obtida foi distribuído em 3 placas de Petri contendo agar-água (AA) a 2%, a qual foi incubada a 25⁰C, por 12 horas, para a indução de germinação. Culturas monospóricas foram, então, obtidas por meio da coleta de um conídio ao microscópio de luz. O conídio foi coletado pelo corte de um fragmento correspondente ao foco de luz do microscópio com peça desenvolvida especificamente para este fim. Os isolados, depois de transferidos para tubos de ensaio contendo FAA, foram incubados sob luz contínua por aproximadamente 7 dias, quando adicionou-se óleo mineral para conservação dos mesmos até o momento de uso.

Foram obtidos 289 isolados monospóricos, sendo 50 de Sete Lagoas, 50 de Uberlândia, 54 de Ipiaçu, 47 de Goiânia, 69 de Jardinópolis e 19 de Palmeira de Goiás.

2.2 Produção e preparo de inóculo

Os isolados monospóricos foram transferidos do óleo mineral para placas de Petri com meio FAA e mantidos sob luz fluorescente contínua por 7 a 8 dias. Para indução de abundante esporulação, realizou-se raspagem superficial

aos 5 dias de crescimento e, após 5 a 6 dias, os isolados foram repicados para placas contendo meio de aveia. O mesmo procedimento foi adotado para as placas contendo o fungo em crescimento para a indução da esporulação necessária para preparo de inóculo. Cinco dias depois, as placas de cada isolado foram inundadas com água destilada, seguindo-se uma raspagem superficial com uma espátula para a liberação de conídios e posterior contagem em câmara de Neubauer. A concentração de inóculo utilizada foi de 10^6 conídios/mL.

As plantas de cada linhagem foram inoculadas aos 28 dias após o plantio com a suspensão de esporos do patógeno na proporção de 10mL/vaso. Após a inoculação, as plantas foram mantidas em câmara úmida por 18 horas, a uma temperatura média de 25°C. Os tratamentos foram delineados em parcelas subdivididas com isolados nas parcelas e cultivares nas subparcelas com 3 repetições. Um vaso com 5 a 6 plantas caracterizou uma repetição.

2.3 Avaliação

As plantas foram avaliadas para o tipo de infecção aos 12 dias após a inoculação, utilizando-se uma escala de notas com valores de 1 a 5, conforme Cardwel et al. (1989), em que: 1 - presença de pequenas pontuações necróticas, 2 - presença de pequenas manchas avermelhadas, 3 - lesões necróticas, algumas vezes alongadas, mas sem a presença de esporulação, 4 - lesões necróticas com a presença de acérvulos no centro e 5 - lesões necróticas, algumas vezes coalescidas, com a presença de abundante esporulação. Duas classes de reação foram consideradas: R = reação de resistência (incluindo as notas 1, 2 e 3) e S = reação de suscetibilidade (incluindo as notas 4 e 5).

2.4 Análise e interpretação dos resultados

As notas transformadas para o tipo de reação (susceptível ou resistente) designaram as raças do fungo, segundo Nietzsche et al. (2001). Foi realizada uma

análise da estrutura de virulência da população e a identificação de associações de patogenicidade e de virulência nas populações do patógeno (Browder e Eversmeyer, 1977; Lebeda, 1981).

As frequências de virulência foram calculadas para cada linhagem, em cada localidade, dividindo-se o número de isolados virulentos a um determinado genótipo pelo número total de isolados amostrados em uma determinada região. Para detectar a ocorrência de virulência associada ou dissociada a duas linhagens a e b, componentes da série diferencial, os isolados inoculados foram classificados em uma das quatro possíveis categorias de avirulência ou virulência: VaVb,; isolado virulento à linhagem a e b; VaAb,; isolado virulento à linhagem a e avirulento à linhagem b; AaAb, isolado avirulento a ambas as linhagens, e AaVb, isolado avirulento à linhagem a e virulento à linhagem b. Baseando-se nestes dados, foram calculadas as frequências, esperada e observada, de cada uma das quatro categorias de virulência e avirulência descritas acima. As frequências esperada e observada, em cada categoria, foram comparadas por meio do teste X^2 (Lebeda, 1981), utilizando-se o programa Genes, desenvolvido por Cruz (1996). Uma associação positiva de virulência ocorre quando os valores observados significativamente excedem os esperados nas categorias VaVb e AaAb e uma associação negativa ocorre quando os valores observados são significativamente inferiores aos esperados nas mesmas categorias (Casela et al.,1998; Alexander et al., 1984).

As associações de patogenicidade e de virulência foram calculadas para cada combinação de linhagens a e b da série diferencial, por meio de coeficiente de associação de patogenicidade (CAP) e um coeficiente de associação de virulência (CAV) conforme as seguintes expressões (Browder & Eversmeyer, 1977).

$CAP = \text{número de isolados AaAb} + \text{número de isolados VaVb} / \text{número total de isolados}$

$CAV = \text{número de isolados VaVb} / \text{número total de isolados.}$

Valores de CAP e CAV muito próximos entre si indicam alta proporção de isolados com virulência associada às duas linhagens, enquanto altos valores de CAP e baixos valores de CAV indicam que a maioria dos isolados na população não possui virulência associada às duas linhagens a e b. O cruzamento entre tais linhagens pode resultar em híbridos com resistência de alta durabilidade (Casela.; et al, 1998).

Segundo Browder & Eversmeyer (1987), dados de coeficientes de associação de patogenicidade (CAP) e de virulência (CAV) fornecem informação completa a respeito da relação de um par de linhagens e a população do patógeno. A diferença entre CAP e CAV de um dado par indica a frequência da população que tem avirulência a ambas as linhagens. A diferença entre 1,00 e o valor de CAP ($1 - CAP$) indica a porção da população que ataca uma ou outra das duas linhagens.

3 RESULTADOS

As freqüências de virulência às linhagens foram, em sua maioria, semelhantes entre si, nos seis locais amostrados. As maiores variações observadas foram para a restauradora BR012R, que apresentou freqüência de virulência de 0,625, em Sete Lagoas e de 0,250, em Jardinópolis e a linhagem macho-estéril CMSXS206A, que apresentou a menor freqüência de virulência em Palmeira de Goiás (0,100) e baixa freqüência de virulência em Sete Lagoas (0,381). Nas demais localidades, ambas apresentaram freqüências de virulência altas. As outras linhagens restauradoras apresentaram freqüências altas de virulência em todas as localidades, com pequena variação entre localidades (Tabela 2).

Em todas as localidades amostradas, observou-se que uma menor proporção de isolados apresentou-se virulenta às linhagens macho-estéreis, principalmente aos genótipos ATF8A, ATF14A e 9409131A. A linhagem macho-estéril ATF14A apresentou baixas freqüências em todas as localidades, exceto em Goiânia e em Palmeira de Goiás, em que os valores para esta linhagem foram um pouco acima dos observados nas demais localidades (0,556 e 0,400, respectivamente) (Tabela 2).

TABELA 2: Frequência de virulência de *C. sublineolum* a 10 linhagens de sorgo em amostras de seis localidades no Brasil. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Genótipos	Número de raças (N) na amostra e frequência de virulência por região											
	Sete Lagoas		Uberlândia		Ipiaçu		Goiânia		Palmeira de Goiás		Jardinópolis	
	N=21 ¹		N=24		N=20		N=18		N=10		N=32	
	R.V. ²	F.V. ³	R.V.	F.V.	R.V.	F.V.	R.V.	F.V.	R.V.	F.V.	R.V.	F.V.
BR009	21	1,000	24	1,000	20	1,000	18	1,000	10	1,000	32	1,000
BR012R	17	0,810	15	0,625	19	0,950	18	1,000	8	0,800	8	0,250
CMSXS180R	21	1,000	19	0,792	20	1,000	17	0,944	7	0,700	27	0,844
CMSXS182R	17	0,810	18	0,750	18	0,900	14	0,778	8	0,800	23	0,719
9910032R	20	0,952	19	0,792	16	0,800	16	0,889	8	0,800	26	0,813
ATF8A	7	0,333	6	0,250	5	0,250	7	0,389	4	0,400	6	0,188
ATF14A	8	0,381	6	0,250	7	0,350	10	0,556	4	0,400	9	0,281
ATF54A	17	0,810	18	0,750	16	0,800	13	0,722	8	0,800	23	0,719
CMSXS206A	8	0,381	13	0,542	10	0,500	11	0,611	1	0,100	19	0,594
9409131A	9	0,429	6	0,250	4	0,200	5	0,278	3	0,300	17	0,531

¹Número de raças detectadas na região. ²Número de raças virulentas à linhagem.

³Frequência de virulência por região

Em Sete Lagoas e Goiânia, os valores de CAP e CAV foram altos e próximos entre si, em todas as combinações de linhagens analisadas. Em Goiânia, as combinações entre as linhagens BR012R x 9409131, CMSXS180R x 9409131A e 9910032R x 9409131A apresentaram baixos valores tanto de CAP e quanto de CAV. Considerando-se as elevadas frequências de virulência às linhagens R, os baixos valores de CAV foram determinados apenas pela linhagem 9409131, comum a todos os pares analisados e que apresentam uma menor frequência de virulência em relação às linhagens R.

Em Uberlândia, as maiores diferenças entre CAP e CAV foram observadas entre as linhagens macho-estéreis ATF8A, ATF14A e 9409131A, em combinação com as restauradoras BR012R e CMSXS180R e entre ATF8A

com a restauradora 9410032R. Em Ipiacu, todas as combinações apresentaram valores aproximados entre CAP e CAV, sendo observadas tanto combinações com altos CAP e CAV quanto em combinações em que dois coeficientes apresentaram valores baixos. Valores próximos são indicativos de que estas combinações não oferecem potencial para gerar híbridos com resistência às raças prevalentes neste local.

Em Palmeira de Goiás, as maiores diferenças entre CAP e CAV foram obtidas nas combinações entre as linhagens restauradoras e a linhagem CMSXS 206A. O baixo CAV foi determinado, entretanto, pela menor frequência de virulência a esta linhagem (Tabela 3), já que os valores de CAP foram também baixos. As outras combinações apresentaram valores de CAP e CAV bem próximos entre si, indicando a ocorrência de uma maior proporção de isolados na população com virulência associada às duas linhagens utilizadas nas combinações (Tabela 3). Duas combinações com altos valores de CAP e baixos valores de CAV foram identificadas em Jardinópolis, entre a restauradora BR 012R e as macho-estéreis ATF8A e ATF14A. As combinações dessas mesmas linhagens macho-estéreis e a CMSXS182R apresentaram diferenças relativamente altas entre CAP e CAV (0,507 e 0,333, respectivamente), para as duas combinações (Tabela 3).

TABELA 3: Coeficientes de associação de patogenicidade e virulência a *C. sublineolum*, em 20 combinações entre linhagens A e R, estimados em seis localidades. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinação de linhagens	Local / coeficientes											
	Sete Lagoas		Uberlândia		Ipiacu		Goiânia		P. de Goiás		Jardinópolis	
	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV
BR012R x ATF8A	0,700	0,620	0,380	0,220	0,222	0,204	0,596	0,596	0,316	0,263	0,536	0,043
BR012R x ATF14A	0,680	0,600	0,420	0,240	0,241	0,222	0,660	0,660	0,421	0,368	0,580	0,072
BR012R x ATF54A	0,920	0,880	0,800	0,700	0,704	0,704	0,872	0,872	0,789	0,737	0,304	0,188
BR012R x MSXS206A	0,560	0,480	0,520	0,420	0,463	0,463	0,830	0,830	0,105	0,053	0,304	0,145
BR012R x 9409131A	0,580	0,500	0,420	0,200	0,056	0,056	0,340	0,340	0,158	0,105	0,290	0,101
CMSXS180R x ATF8A	0,620	0,620	0,400	0,280	0,204	0,204	0,617	0,596	0,368	0,263	0,406	0,333
CMSXS180R x TF14A	0,600	0,600	0,400	0,280	0,222	0,222	0,681	0,660	0,474	0,368	0,362	0,319
CMSXS180R x TF54A	0,920	0,920	0,880	0,800	0,722	0,722	0,894	0,872	0,737	0,684	0,855	0,826
CMSXS180R x CMSXS206A	0,540	0,540	0,620	0,520	0,481	0,481	0,851	0,830	0,158	0,053	0,754	0,725
CMSXS180R x 9409131A	0,500	0,500	0,420	0,200	0,074	0,074	0,362	0,340	0,263	0,158	0,739	0,681
CMSXS182R x ATF8A	0,660	0,600	0,380	0,240	0,241	0,204	0,702	0,574	0,316	0,263	0,507	0,333
CMSXS182R x ATF14A	0,640	0,580	0,380	0,240	0,259	0,222	0,766	0,638	0,421	0,368	0,507	0,333
CMSXS182R x ATF54A	0,920	0,880	0,780	0,720	0,685	0,685	0,809	0,766	0,789	0,737	0,797	0,739
CMSXS182R x CMSXS206A	0,620	0,540	0,460	0,400	0,519	0,481	0,723	0,702	0,105	0,053	0,739	0,667
CMSXS182R x 9409131A	0,500	0,460	0,380	0,200	0,111	0,074	0,447	0,319	0,211	0,158	0,681	0,609
9910032R x ATF8A	0,640	0,620	0,420	0,280	0,296	0,204	0,638	0,596	0,316	0,263	0,420	0,333
9910032R x ATF14A	0,620	0,600	0,380	0,260	0,278	0,204	0,702	0,660	0,421	0,368	0,406	0,333
9910032R x ATF54A	0,940	0,920	0,900	0,800	0,630	0,630	0,872	0,851	0,789	0,737	0,855	0,812
9910032R x CMSXS206A	0,560	0,540	0,680	0,540	0,500	0,444	0,872	0,830	0,105	0,053	0,739	0,710
9910032R x 9409131A	0,520	0,500	0,340	0,200	0,167	0,074	0,340	0,319	0,211	0,158	0,696	0,652

Considerando-se as combinações entre linhagens restauradoras, todas apresentaram altos valores de CAP e de CAV, em todas as localidades amostradas, exceção feita às combinações entre a linhagem BR012R e as linhagens CMSXS180R, CMSXS182R e 9910032R, que apresentaram baixos CAP e CAV em Jardinópolis (Tabela 4).

Por outro lado, combinações entre macho-estéreis apresentaram alto CAP e baixo CAV em várias localidades amostradas. Por exemplo, em Sete Lagoas, identificaram-se as combinações de ATF8A x 9409131A e CMSXS206A x 9409131A, com altos valores de CAP e baixos valores de CAV. Em Uberlândia, seis combinações foram identificadas com alto CAP e baixo CAV entre as linhagens ATF8A, ATF14A, CMSXS206A e 9409131A. A mesma situação foi observada entre as combinações entre ATF54A e CMSXS26A (Tabela 4). Duas combinações apresentaram CAV igual a zero, em Palmeira de Goiás; entre as linhagens ATF14A e CMSXS206A e CMSXS206A e 9409131A. Em Jardinópolis, somente a combinação ATF8A e ATF14A foi identificada com altos valores de CAP e CAV. Combinações entre ATF14A, ATF54A e CMSXS206A, 9409131A mostraram altos valores para ambos os coeficientes (Tabela 4).

A análise da estrutura de virulência das populações de *C. sublineolum* amostradas não indicou a ocorrência de virulência dissociada às combinações entre linhagens R e A, o que foi confirmado estatisticamente pelo teste Qui-quadrado a 5% de probabilidade (Tabelas 1B a 12B). Baseando-se neste fato, pode-se prever que tais combinações não são recomendadas para a geração de híbridos com resistência à antracnose nestas localidades.

TABELA 4: Coeficientes de associação de patogenicidade (CAP) e virulência (CAV) a *C. sublineolum*, em 16 combinações entre linhagens A e entre linhagens R, estimados em seis localidades. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações de linhagens	Local/coeficientes											
	Sete Lagoas		Uberlândia		Ipiacu		Goiânia		P. de Goiás		Jardinópolis	
	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV
BR012R x CMSXS180R	0,920	0,920	0,840	0,780	0,981	0,981	0,979	0,979	0,947	0,895	0,290	0,217
BR012R x CMSXS182R	0,940	0,920	0,820	0,740	0,944	0,944	0,936	0,936	0,947	0,895	0,319	0,203
BR012R x 9910032R	0,940	0,920	0,820	0,780	0,889	0,889	0,957	0,957	1,000	0,947	0,304	0,217
CMSXS180R x CMSXS182R	0,920	0,920	0,860	0,800	0,963	0,963	0,957	0,936	0,947	0,895	0,870	0,841
CMSXS180R x 9910032R	0,980	0,980	0,940	0,900	0,907	0,889	0,979	0,957	0,947	0,895	0,928	0,884
CMSXS182R x 9910032R	0,940	0,920	0,800	0,780	0,889	0,870	0,957	0,936	1,000	0,947	0,913	0,885
ATF8A x ATF14A	0,800	0,520	0,800	0,180	0,759	0,093	0,851	0,553	0,684	0,158	0,783	0,232
ATF8A x ATF54A	0,700	0,620	0,440	0,280	0,444	0,185	0,660	0,574	0,526	0,263	0,449	0,389
ATF8A x CMSXS206A	0,680	0,420	0,700	0,260	0,685	0,185	0,702	0,596	0,632	0,053	0,507	0,304
ATF8A x 9409131A	0,640	0,380	0,760	0,120	0,907	0,019	0,660	0,298	0,789	0,105	0,580	0,304
ATF14A x ATF54A	0,620	0,540	0,400	0,260	0,444	0,185	0,681	0,617	0,632	0,368	0,449	0,304
ATF14A x CMSXS206A	0,740	0,440	0,660	0,240	0,556	0,130	0,660	0,574	0,579	0,000	0,768	0,696
ATF14A x 9409131A	0,740	0,420	0,680	0,100	0,741	0,019	0,638	0,319	0,684	0,105	0,565	0,304
ATF54A x CMSXS206A	0,620	0,540	0,700	0,540	0,537	0,352	0,851	0,787	0,316	0,053	0,797	0,710
ATF54A x 9409131A	0,560	0,500	0,380	0,220	0,352	0,074	0,447	0,340	0,421	0,158	0,667	0,609
CMSXS206A x 9409131A	0,600	0,320	0,640	0,200	0,556	0,056	0,426	0,298	0,789	0,000	0,725	0,580

4 DISCUSSÃO

A seleção de combinações de linhagens de sorgo, por meio dos coeficientes de associação de patogenicidade e de virulência, é uma alternativa como estratégia para a obtenção de resistência durável a *C. sublineolum*. Duas combinações de linhagens, entre ATF8A e ATF14A e a restauradora BR012R, apresentaram altos valores de CAP e baixos valores de CAV em Jardinópolis, resultantes de uma maior proporção de isolados com avirulência a estas linhagens, nesta localidade. De acordo com Browder & Eversmeyer (1977), combinações com alto CAP e baixo CAV são capazes de, potencialmente, gerar híbridos com resistência de alta durabilidade. Tais combinações podem, portanto, ser úteis na geração de híbridos resistentes à população de *C. sublineolum*, predominante naquela localidade.

Segundo os citados autores, combinações com altos valores de CAP e altos valores de CAV não têm, por outro lado, combinações capazes de gerar resistência de alta durabilidade, pois, a maior proporção da população patogênica já é capaz de infectar ambas as linhagens da combinação. Partindo-se desta afirmativa, pode-se supor, de acordo com os resultados deste trabalho, que nenhum híbrido gerado pelas combinações entre as linhagens R e a linhagem ATF54A seria potencialmente resistente a *C. sublineolum*. Muitas combinações apresentaram baixos valores para CAP e CAV, simultaneamente. Neste caso, os híbridos resultantes teriam a sua resistência atribuída a apenas uma das linhagens componentes do cruzamento.

As altas frequências de virulência apresentadas pelas linhagens restauradoras CMSXS180R e CMSXS182R, em todos os locais amostrados diferiram daquelas relatadas por Casela et al. (1998), que verificaram uma alta resistência destas linhagens às populações de *C. sublineolum* predominantes em

Sete Lagoas, MG, Pelotas, RS e Jataí, GO. Entretanto, uma associação positiva de virulência entre estas linhagens e a linhagem CMSXS217A já havia sido observada. As linhagens CMSXS180R e CMSXS182R têm como progenitor a linhagem restauradora BR005R que, desde 1975, é usada como fonte de resistência no programa de melhoramento da EMBRAPA. Provavelmente, estes genótipos já exerciam, direta ou indiretamente por meio da linhagem progenitora BR 005R, alguma pressão de seleção sobre a população do patógeno a favor de raças virulentas aos seus genes de resistência. Este fato dá suporte à hipótese de que o patógeno se adaptou, por meio de novas formas de virulência, aos genes de resistência desses genótipos. Isto é possível pelo fato de *C. sublineolum* ser um patógeno com grande capacidade adaptativa, como já demonstrado (Casela et al., 2004; Guimarães et al., 1999; Casela & Ferreira, 1987).

A ocorrência de associações positivas de virulência observada neste trabalho já havia sido observada anteriormente por Casela & Ferreira (1995). Segundo os citados autores, este fato pode ser determinado, pelo menos em parte, pela ausência de processos sexuais em *C. sublineolum* em sorgo. Neste caso, determinadas combinações de genes de virulência podem permanecer na população, ainda que estes genes não estejam necessariamente ligados (Wolfe & Knott, 1982).

Considerando-se a alta frequência de virulência observada para as linhagens restauradoras analisadas neste trabalho, é importante que sejam identificadas combinações potencialmente capazes de gerar descendentes com alta resistência em cruzamentos. Normalmente, a base genética dos híbridos comerciais é pequena, pois, o uso de progenitores que possuem genes de resistência faz com estes sejam componentes de muitos materiais ao mesmo tempo e ao longo dos anos. Exemplo desta situação é a utilização do BR005R que, desde 1975, é utilizado como fonte de resistência e da aparente adaptação do patógeno a dois de seus descendentes, como verificado neste trabalho. A

combinação, em mesmo genótipo, de dois ou mais genes de resistência, para as quais a virulência não esteja associada na população do patógeno, determina uma resistência potencialmente mais difícil de ser superada. Quanto maior a desvantagem para o patógeno antes da introdução de determinada resistência, maior a frequência de fatores de virulência correspondentes, o que determina um atraso no seu estabelecimento na população (Casela et al., 1998, citando Gale, 1987).

Provavelmente, a linhagem 9409131A possui um ou mais genes fortes de resistência com capacidade de controlar a doença, pois, mesmo suas combinações com linhagens suscetíveis, apresentaram altos valores de CAP. No patossistema *Triticum aestivum/Puccinia graminis* Pers. var. *tritici* Eriks & Henn., a presença do gene Sr_6 está mais associada à durabilidade da resistência de determinada cultivar do que o número de genes que ela possui (Mundt, 1990; 1991). Neste patossistema, entre cinco cultivares que mantiveram sua resistência a este patógeno, quatro possuíam o gene Sr_6 . Duas cultivares que apresentaram resistência de baixa durabilidade possuíam 5 e 2 genes de resistência, respectivamente, porém, nenhuma delas possuíam o Sr_6 em sua constituição genética. Certas combinações de virulência no patógeno podem estar associadas a uma redução na sua capacidade de adaptação, que traz como resultado um aumento na durabilidade da resistência, como é o caso das cultivares de trigo, que têm o gene Sr_6 combinado com $SrTeI$. Torna-se, portanto, difícil distinguir entre uma maior efetividade conferida pelos genes de resistência introduzidos no hospedeiro e uma menor capacidade adaptativa das raças de maior virulência no patógeno (Mundt, 1990.; Mundt, 1991).

5 CONCLUSÕES

1. A frequência de virulência foi variável, porém, alta, para a maior parte dos genótipos avaliados.

2. Alta associação de virulência foi verificada para as combinações entre as linhagens R, em todos os locais avaliados.

3. Nenhuma combinação entre as linhagens macho-estéreis e as linhagens restauradoras apresentou potencial para fornecer uma resistência que possa ser utilizada em todas as localidades, simultaneamente.

4. Todas as combinações entre linhagens macho-estéreis apresentaram potencial de gerar híbridos com alta resistência em mais de uma localidade, à exceção das combinações com ATF54A.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALEXANDER, H.M.; ROELFS, A.P.; GROTH, J.P. Pathogenicity associations in *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* in the United States. **Phytopathology**, v.74, n.10, p.1161-1168, 1984.

ADUGNA, A. Alternate approaches in deploying for disease resistance in crop plants. **Asian Journal of Plants Sciences**, v.3, n.5, p.618-623, 2004.

BROWDER, L.E.; EVERSMEYER, M.G. Pathogenicity associations in *Puccinia recondita tritici*. **Phytopathology**, v.67, p.766-771, 1977.

CARDWEL, K.F.; HEPPELRY, P.R.; FREDERIKISEN, R.A. Pathotypes of *Colletotrichum graminicola* and transmission of sorghum anthracnose. **Plant Disease**, v.73, p.255-257, 1989.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Reação de genótipos de sorgo a sete patótipos de *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose. **Fitopatologia Brasileira**, v.12, n.1, p.60-62, 1987.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Associações de virulência em *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, v.20, n.2, p.33-38, 1995.

CASELA, R.C.; FERREIRA, A.S.; SANTOS, F.G. Associação de virulência de *Colletotrichum graminicola* à resistência genética em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, v.23, n.2, p.143-146, 1998.

CASELA, R.C.; SANTOS, F.G.; FERREIRA, A.S. Race diversity and complexity in populations of the sorghum anthracnose fungus *Colletotrichum graminicola*. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.3, n.1, p.30-37, 2004.

CRUZ, C.D. **Programa genes**. Viçosa: UFV. Departamento de Biologia Geral, 1996.

GUIMARÃES, F.B. et al. Avaliação da estabilidade fenotípica e previsibilidade da resistência de cultivares de sorgo a *Colletotrichum graminicola*. **Summa Phytopathologica**, v.25, n. 1, p.09-13, 1999.

LEBEDA, A. Population genetics of lettuce downy mildew (*Bremia lactucae*). **Phytopathology**, v.71, p.228-239, 1981.

MUNDT, C.C. Probability of mutation to multiple virulence and durability of resistance gene pyramids. **Phytopathology**, v.80, n.3, p.221-223, 1990.

MUNDT, C.C. Probability of mutation to multiple virulence and durability of resistance gene pyramids: further comments. **Phytopathology**, v.81, n.3, p.240-242, 1991.

NIETSCHE, S. A. et al. Genetic diversity of *Phaeoisriopsis griseola* in the State of Minas Gerais, Brazil. **Euphytica**, v.117, p.77-84, 2001.

VANDERPLANK, J.E. **Disease resistance in plants**. New York: Academic, 1984. 194p.

WOLFE, P.S.; KNOT, D.R. Populations of plant pathogens: some constraints on analysis of variation in pathogenicity. **Plant Pathology**, v.31, p.79-90, 1982.

**CAPÍTULO 3: RESISTÊNCIA GENÉTICA DE HÍBRIDOS
EXPERIMENTAIS DE SORGO A *Colletotrichum sublineolum* EM
QUATRO LOCALIDADES NO BRASIL**

RESUMO

SILVA, Dagma Dionísia da. Resistência genética de híbridos experimentais de sorgo a *Colletotrichum sublineolum* em quatro localidades no Brasil. **In: Resistência de híbridos de sorgo a *Colletotrichum sublineolum*: previsibilidade por meio da reação de linhagens progenitoras** 2006. p. 77-100. Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Fitopatologia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG*

Foi objetivo deste trabalho avaliar a resistência de híbridos de sorgo piramidados com genes de resistência a *Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák em locais de ocorrência de severas epidemias da doença, em que a diversidade do patógeno e a estrutura de virulência de suas populações foram previamente estudadas. Cinco linhagens macho-estéreis e quatro restauradoras do programa de melhoramento da EMBRAPA/CNPMS, e seus respectivos híbridos experimentais gerados pelo cruzamento de tais linhagens, foram avaliados em Sete Lagoas, MG, Goiânia e Jataí, GO, e Jardinópolis, SP, quanto à severidade da doença. Em Sete Lagoas, foram realizadas quatro avaliações e os dados foram utilizados para o cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença e analisadas estatisticamente. Uma menor severidade para grande parte dos híbridos foi verificada em relação a seus pais. O híbrido 0304023 apresentou a menor área abaixo da curva de progresso da doença e foi identificado como estável em todos os locais avaliados. Os híbridos 0306034, 9920008, 0306004, 0227003, 9817026, 0303001 e 0226001 também mostraram baixa severidade da doença, mas, variaram quanto à estabilidade da doença entre os locais.

*Comitê orientador: Hilário Antônio de Castro-UFLA (Orientador), Carlos Roberto Casela-EMBRAPA/Milho e Sorgo (Co-orientador).

ABSTRACT

SILVA, Dagma Dionísia da. Genetic resistance of experimental hybrids of sorghum to *Colletotrichum sublineolum* in four locations in Brazil. **In: Resistance of sorghum hybrids to *Colletotrichum sublineolum*: previsibility by lineage progenitor reaction** 2006. p. 77-100. Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Fitopatologia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG*

The objective of this work was to evaluate the resistance of sorghum hybrids pyramided with genes of resistance to *Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák in places of occurrence of severe disease epidemics and where the pathogen phenotypic diversity and the virulence structure of its populations were previously characterized. Five male-sterile and four restorer lines belonging to the sorghum breeding program of EMBRAPA/CNPMS, and its respective experimental hybrids were evaluated in three brazilian locations for disease severity. In Sete Lagoas four evaluations were performed and data of disease severity progress were transformed in area under the disease progress curve and statistically analyzed. Lower severity for most hybrids was verified as compared to their respective parents. The hybrid 0304023 showed lower area under the disease progress curve and was identified as stable in all locations. The hybrids 0306034, 9920008, 0306004, 0227003, 9817026, 0303001 and 0226001 also showed lower disease severity, but varied for disease stability among locations.

*Guidance comitee: Hilário Antônio de Castro – UFLA (Advisor), Carlos Roberto Casela – EMBRAPA/ CNPMS (Co - advisor).

1 INTRODUÇÃO

O aumento, em produção, na cultura de sorgo no Brasil foi determinado pela intensificação e modificação nos sistemas de cultivo desse cereal e pelos avanços obtidos no melhoramento genético, com a geração de cultivares de alta produtividade. Porém, dentre os fatores que limitam a expansão da cultura no país, está a antracnose do sorgo (*Colletotrichum sublineolum* Henn. in Kab. & Bubák), a principal e mais devastadora doença no Brasil, que está disseminada por todas as regiões de plantio desta cultura e é favorecida por condições de alta umidade e temperatura.

O controle desta doença é considerado prioritário pela indústria de produção de sementes, já que pode provocar perdas superiores a 80% na produtividade, além de causar esterilidade parcial de panículas e afetar drasticamente a qualidade da semente produzida. O seu controle é também essencial como suporte à contínua expansão da área de plantio com a cultura. O uso de cultivares resistentes é a melhor forma de controle da doença. Porém, a variabilidade apresentada por *C. sublineolum* representa um entrave para os trabalhos de melhoramento genético, visando à obtenção de cultivares resistentes devido à possibilidade de quebra da resistência pelo surgimento de novas formas de virulência do patógeno que se adaptam às variedades e híbridos comerciais (Guimarães et al., 1999; Casela & Ferreira, 1987).

Dentre as estratégias de controle da doença, a piramidação tem sido amplamente utilizada por melhoristas na tentativa de obter híbridos com resistência a doença.

Uma forma de se atingir este objetivo é a combinação de linhagens com genes de resistência que determinem limitações à capacidade adaptativa do patógeno, diminuindo os prejuízos causados por ele, que apresenta raças de alta

agressividade (Costa, 2004; Wolfe, 1985; Crill, 1982; Nelson, 1973; Browning & Frey, 1969).

Foram objetivos deste trabalho identificar híbridos piramidados por meio do cruzamento entre linhagens contendo genes de resistência a *C. sublineolum* que apresentem estabilidade da resistência em diferentes regiões de severas epidemias no Brasil.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Para condução deste experimento, foram montados ensaios em Sete Lagoas, MG, Goiânia e Jataí, GO e Jardinópolis, SP, no período da safrinha (fevereiro-março), no ano de 2005, com nove linhagens elite e seus respectivos híbridos experimentais (Tabela 1). Uma parcela com a linhagem BR009 foi plantada como padrão de suscetibilidade. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, com três repetições.

TABELA 1: Linhagens macho-estéreis (A) e restauradoras (R) e os respectivos híbridos gerados pelos cruzamentos de A e R. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Restauradoras ¹	Macho-estéreis ²				
	AT 8A	ATF14A	ATF54A	CMSXS206A	9409131A
BR012R	0009060 ³	009061	0009055	0226001	0303001
CMSXS180R	9920044	9920045	9920038	0304023	9920008
CMSXS182R	0021059	0021060	00211054	0227003	9817026
9910032R	0144013	0144015	0144007	0306034	0306004

¹ As restauradoras correspondem aos machos e são designadas pela letra R.

² As macho-estéreis correspondem às fêmeas e são designadas pela letra A. Nas avaliações foram utilizadas as linhagens mantenedoras (B).

³ Os híbridos (centro da tabela) foram gerados pelo cruzamento das fêmeas e dos machos.

2.1 Ensaio em Sete Lagoas, MG

Foi utilizada a área experimental do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), localizada em Sete Lagoas, MG. Nove linhagens elite e seus respectivos híbridos

experimentais foram plantados em parcelas constituídas de fileiras de 5m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,70m e densidade de plantas de 8 plantas/m linear de sulco.

Transversalmente a cada parcela, foi plantada uma fileira de 1m de comprimento com a cultivar suscetível BR009 e outra com a linhagem resistente SC283 na extremidade contrária da parcela. Para evitar a disseminação lateral da doença, as parcelas foram isoladas entre si por fileiras da cultivar resistente SC283 e os blocos por fileiras de milho.

2.2 Ensaio em Goiânia, GO

Foi utilizada a área experimental do Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), localizada em Goiânia, GO.

Foram plantadas as 9 linhagens progenitoras e seus respectivos híbridos experimentais em parcelas constituídas de fileiras de 5m de comprimento e espaçamento entre linhas de 0,70m, com densidade de plantas de 8 plantas/m linear de sulco.

Neste local não foram utilizadas as bordaduras com a cultivar resistente SC283 entre as parcelas.

2.3 Ensaio em Jataí, GO

Foi utilizada a área dos campos experimentais da Universidade Federal de Goiás, *Campus Jataí*, GO. Somente os híbridos foram plantados em parcelas constituídas de fileiras de 5m de comprimento e espaçamento entre linhas de 0,50m, com densidade de plantas de 8 plantas/m linear de sulco.

Para evitar a disseminação lateral da doença, as parcelas foram isoladas entre si pela cultivar resistente SC283. O ensaio foi conduzido sob condições

naturais de epidemia da doença. Para esta localidade, não foram obtidos isolados de *C. sublineolum* e, portanto, não foram realizadas inoculações em casa de vegetação.

2.4 Ensaio em Jardinópolis, SP

Foram utilizadas as dependências dos campos experimentais da Dow Agrosiences, localizado no município de Jardinópolis, SP.

Os vinte híbridos experimentais foram plantados em parcelas constituídas de fileiras de 5m de comprimento e espaçamento entre linhas de 0,70m, com densidade de plantas de 8 plantas/m de sulco linear.

Para evitar a disseminação lateral da doença, as parcelas foram isoladas entre si por fileiras da cultivar resistente SC283. Transversalmente a cada parcela, foi plantada uma fileira de 1m de comprimento com a cultivar suscetível BR 009 e outra com a resistente SC283, na extremidade posterior da parcela.

Foi realizada inoculação artificial com uma mistura de raças obtidas nesta localidade. O inóculo foi preparado de acordo com as metodologias anteriores de preparo e produção de inóculo utilizados neste trabalho e que também foram utilizadas em casa de vegetação. A inoculação foi feita somente na fonte de inóculo (BR009) com pulverizador costal, consumindo 15litros da suspensão com inóculo para cobrir as plantas. As raças utilizadas na mistura foram: 31.12, 31.28, 31.30, 25.30, 29.12, 31.09, 29.06, 29.20, 29.28, 29.29 e 31.15.

2.5 Reação de híbridos experimentais a *C. sublineolum*, em casa de vegetação

Foram selecionadas 19 raças para inoculação dos híbridos gerados pelos cruzamentos das linhagens macho-estéreis e restauradoras. As raças mais

freqüentes de cada um dos seis locais de estudo, as mais virulentas e outras de menor freqüência e virulência foram selecionadas para avaliação da reação dos genótipos ao patógeno.

A freqüência de virulência a cada híbrido foi determinada por divisão do número de raças virulentas a determinado híbrido pelo número de raças testadas (19) em casa de vegetação.

O preparo do inóculo, as inoculações e as avaliações seguiram a mesma metodologia dos experimentos dos capítulos 1 e 2 deste trabalho.

2.6 Avaliações

Em Jardinópolis, Jataí e Goiânia foi realizada uma única avaliação aos 100 dias após o plantio, em três pontos de cada subparcela: ponto 1, ponto 2 e ponto 3, localizados, respectivamente, no início, meio e final da linha. Em Jardinópolis, considerou-se como sendo o ponto 1 o mais próximo da fonte de inóculo.

Em Sete Lagoas, foram realizadas avaliações semanais com início aos 90 dias após o plantio. Em cada parcela, seis plantas foram selecionadas e marcadas com fita de plástico ao longo da linha de plantio. Todas as folhas das plantas selecionadas foram avaliadas individualmente em um total de 4 avaliações. Utilizou-se a escala diagramática de severidade de doença de Sharma (1983).

2.7 Análise e interpretação dos dados

Os dados de severidade da doença obtidos em Sete Lagoas foram transformados em valores de área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), pelo programa AVACPD, desenvolvido por Torres & Ventura

(1991), no Departamento de Fitopatologia, da Universidade Federal de Viçosa, com base na equação:

$$AACPD = \sum [(Y_{i+n1} + Y_i)] [t_{i+1} - t_i],$$

em que: Y_i é a severidade de doença na i -ésima observação;

t_i é o tempo em dias na i -ésima observação e n é o número de observações (Shanner & Finney, 1977).

Os dados de AACPD foram submetidos à análise de variância e teste de médias (Tukey), utilizando-se o programa Assistat versão 7.2 beta (2004), desenvolvido por Souza e Silva (2002), do Departamento de Engenharia Agrícola do CCT-UFCG, Campina Grande, PB.

A classificação dos híbridos quanto a resistência, foi de acordo com o valor de AACPD para o genótipo em relação ao ponto 1 de avaliação, que é o mais próximo da fonte de inóculo.

3 RESULTADOS

Em Sete Lagoas, todas as linhagens apresentaram nível de resistência à doença significativamente superior ao da linhagem BR009, utilizada como padrão de suscetibilidade. Maior nível de resistência foi observado na linhagem CMSXS180R, que apresentou menor severidade de doença no ponto 3 (Tabela 2). A maior AACPD para a linhagem ATF54A, nos três pontos de avaliação, confirma os resultados obtidos em casa de vegetação para esta linhagem, quanto à suscetibilidade ao patógeno. À exceção dos genótipos 0021060 (CMSXS182R x ATF14A), que teve maior AACPD nos três pontos avaliados e 0021054 (CMSXS182R x ATF54A), todos os híbridos apresentaram valores de AACPD inferiores aos de seus progenitores no ponto 1. No ponto 2, os híbridos 0009055 e 9920038 apresentaram AACPD superior a seus progenitores masculinos BR 012R e CMSXS180R, respectivamente e inferiores ao progenitor feminino (ATF54A). Não houve diferença significativa, a 5%, pelo teste de Tukey, entre estes híbridos e seus progenitores (Tabela 2).

Os híbridos, 0304023, 0306034, 9920008, 0306004, 0227003, 0226001, 9817026 e 0303001 apresentaram os menores valores de AACPD, para o ponto 1. Variações dos valores de AACPD entre os 3 pontos avaliados resultaram em mudança de posição entre os híbridos, sem no entanto, excluir ou inserir outro genótipo nesta classificação (Tabela 2).

Em Goiânia, a menor severidade da doença foi observada para a linhagem 9910032R e os híbridos 0303001, 9920044, 0304023, 9920008, 987026 e 0306004 e, em Jardinópolis, entre os híbridos 0304023, 0226001, 0227003 e 0306034. Em Jataí, todos os híbridos apresentaram severidade de doença inferior à da linhagem BR009 (Tabela 3, Figura 3).

TABELA 2: Área abaixo da curva de progresso de doença medida em três pontos a partir da fonte de inóculo, em Sete Lagoas, MG, 2005. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Genótipos	Ponto 1		Ponto 2		Ponto3	
BR009	1790.900	a	1660.187	a	1642.593	a
BR012R	516.973	bcde	360.160	cdefg	428.397	cdef
CMSXS180R	425.457	cde	275.100	cdefg	204.170	def
CMSXS182R	480.203	bcde	490.733	cde	479.020	cde
9910032R	535.187	bcde	473.250	cdef	362.063	cdef
ATF8A	581.170	bcde	580.490	cd	533.703	cd
ATF14A	430.370	cde	356.483	cdefg	423.457	cdef
ATF54A	674.073	bcd	589.817	c	645.443	c
CMSXS206A	414.503	cde	284.257	cdefg	335.200	cdef
9409131A	466.020	cde	426.483	cdefg	313.703	cdef
0009060	274.920	cde	242.700	cdefg	284.520	cdef
0009061	302.467	cde	296.530	cdefg	248.840	def
0009055	427.233	cde	382.720	cdefg	379.937	cdef
0226001	192.280	cde	158.340	efg	179.323	def
0303001	221.670	cde	216.667	cdefg	143.333	ef
9920044	250.310	cde	245.373	cdefg	268.207	cdef
9920045	279.196	cde	244.140	cdefg	283.747	cdef
9920038	374.073	cde	507.793	cde	221.860	def
0304023	85.340	e	62.267	g	70.370	f
9920008	151.233	cde	112.040	fg	161.110	def
0021059	262.717	cde	248.997	cdefg	284.647	cdef
0021060	1040.740	b	1066.663	b	1172.840	b
0021054	701.080	bc	477.757	cdef	315.973	cdef
0227003	165.280	cde	187.517	efg	191.740	def
9817026	216.130	cde	212.037	defg	195.137	def
0144013	390.277	cde	290.050	cdefg	221.527	def
0144015	370.060	cde	326.230	cdefg	252.080	def
0144007	391.050	cde	350.863	cdefg	242.733	def
0306034	124.073	de	108.330	fg	128.703	ef
0306004	155.123	cde	91.360	g	85.417	f
CV%	42.025		31.012		32.925	

Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo Teste de Tukey a 5% de probabilidade.

TABELA 3: Média de severidade da antracnose do sorgo em três locais. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Genótipos	Goiânia	Jardinópolis	Jataí
BR0009	92,593	98,765	28,395
BR012R	55,556	-	-
CMSXS180R	46,914	-	-
CMSXS182R	56,790	-	-
9910032R	12,346	-	-
ATF8A	51,852	-	-
ATF14A	64,198	-	-
ATF54A	66,667	-	-
CMSXS206A	66,667	-	-
9409131 ^a	44,444	-	-
0009060	61,728	65,432	6,173
0009061	64,198	58,025	1,235
0009055	51,852	49,383	2,469
0226001	33,333	30,864	2,469
0303001	22,222	51,852	1,235
9920044	32,099	44,444	1,235
9920045	46,914	55,556	4,938
9920038	37,037	48,148	0,000
0304023	14,815	9,877	0,000
9920008	18,519	58,025	4,938
0021059	61,728	55,556	3,704
0021060	13,580	51,852	0,000
0021054	60,494	50,617	3,704
0227003	34,568	19,753	2,469
9817026	11,111	61,728	2,469
0144013	53,086	59,259	7,407
0144015	56,790	59,259	2,469
0144007	49,383	51,852	13,580
0306034	53,086	16,049	7,407
0306004	19,753	55,556	0,000

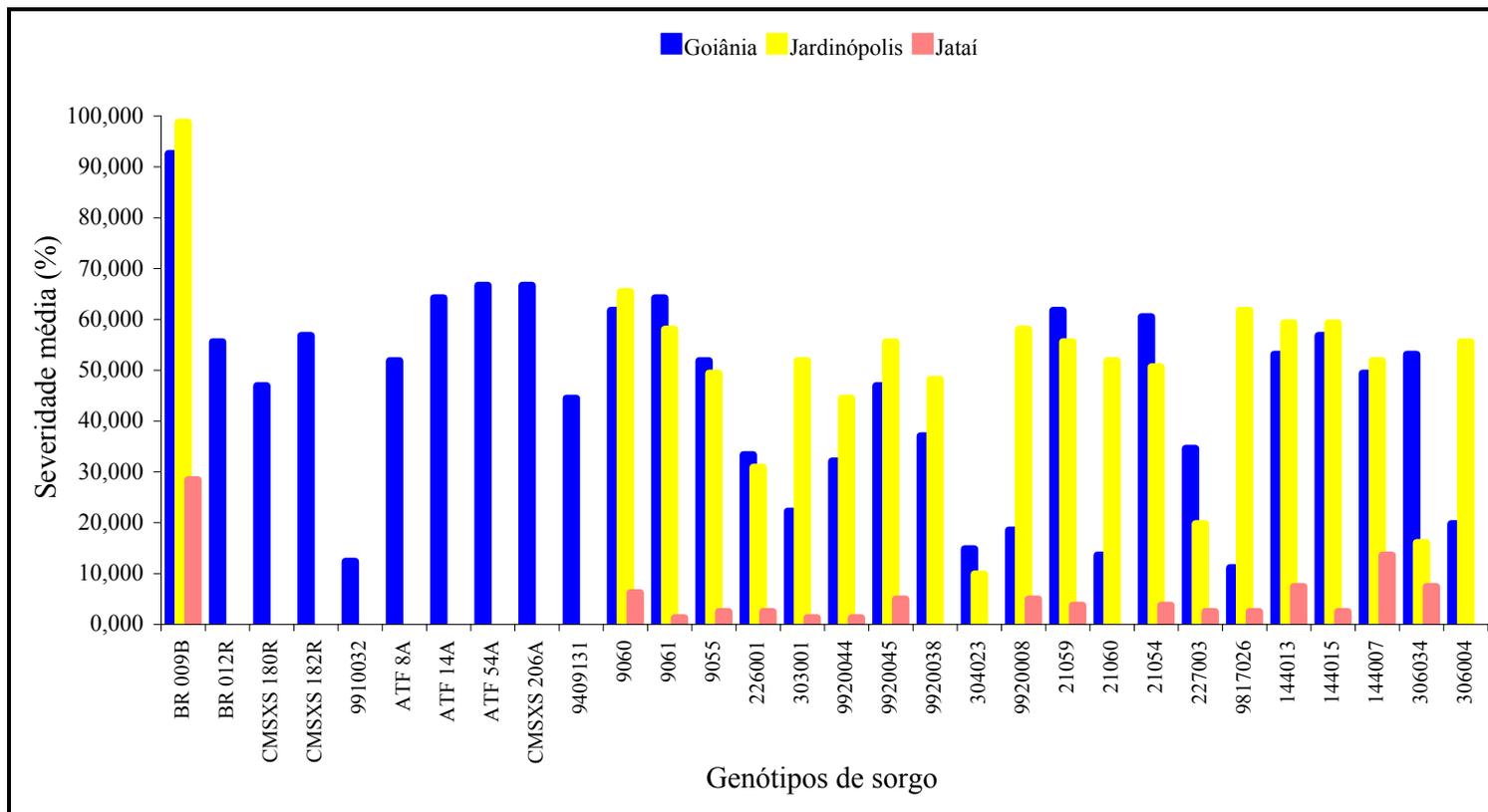


FIGURA 3: Severidade média da antracnose em 30 genótipos de sorgo, em três localidades no Brasil. UFLA. Lavras MG, 2006.

Com base nas reações a 19 isolados de *C.sublineolum*, verificou-se que os genótipos com as menores freqüências de virulência foram apresentados pelos híbridos: 0303001 (0,368), 9920008 (0,368), 0306004 (0,474), 9817026 (0,474). Os híbridos 0009060 (0,579), 009055 (0,632) e 009061 (0,684) apresentaram freqüência de virulência intermediária (Tabela 4).

Os progenitores de tais híbridos são: 9409131A x BR012 (0303001), 9409131A x CMSXS180R (9920008), 9409131A x 9910032R (0306004), 9409131A x CMSXS182R (9817026), ATF8A x BR012R (0009060), ATF54A x BR012R (0009055) e ATF14A x BR012R (0009061). A linhagem macho-estéril 9409131A foi progenitora dos quatro híbridos com as menores freqüências de virulência. Esta linhagem também apresentou baixas freqüências de virulência em todos os locais avaliados e somente em Jardinópolis o valor foi intermediário (Capítulo 2). Apesar da alta freqüência de virulência para a linhagem BR012R, ela foi componente de quatro híbridos com boa resistência em Sete Lagoas (0303001, 0009060, 009055 e 009061). Exceção feita à linhagem ATF54A, a freqüência de virulência às linhagens macho-estéreis componentes de tais híbridos foi baixa em casa de vegetação. Os híbridos 0009060 e 0009061 apresentaram alto valor de CAP e baixo valor de CAV, em Jardinópolis.

O híbrido 0304023, que foi estável quanto à baixa severidade nos quatro locais avaliados, apresentou alta freqüência de virulência as raças testadas e foi resistente às raças 29.28, 31.15, e 31.31. A raça 29.28 foi detectada apenas em Jardinópolis, onde sua freqüência é relativamente alta. As raças 31.15 e 31.31, foram detectadas nos 3 locais, porém, 31.15 teve alta freqüência somente em Goiânia e 31.31 teve alta freqüência em Sete Lagoas e Goiânia. As outras raças às quais este híbrido foi suscetível estavam em baixa freqüência ou ausentes na população do patógeno, com exceção da raça 29.31, em Jardinópolis. Ambos os

progenitores deste híbrido (CMSXS206A e CMSXS180R) são suscetíveis a essas três raças e o valor de CAP e CAV nestes três locais foi alto.

O híbrido 992008 foi resistente a doze raças testadas em casa de vegetação, dentre as quais estão as mais freqüentes nos três locais avaliados (31.31 e 29.31) e as de baixa freqüência ou ausentes na população. Porém, este híbrido teve severidade da doença relativamente alta em Jardinópolis, o que pode ser devido à presença de outras raças virulentas, como 31.04, 31.23 e 21.28, além de outras que não foram testadas em casa de vegetação, mas que podem ser virulentas ao mesmo.

O híbrido 0306034 (CMSXS206A x 9910032R), que foi resistente em Sete Lagoas, Jardinópolis e Jataí, mas com alta freqüência de raças virulentas a ele em casa de vegetação, foi resistente às raças 21.28, 29.15, 31.00, 31.04 e 31.23. Seu progenitor masculino (9910032) foi suscetível a todas as raças, enquanto o progenitor feminino foi suscetível às raças 21.28 e 29.15. A raça 29.15 não esteve presente em nenhum dos locais e 21.28 foi detectada apenas em Jardinópolis, em freqüência intermediária. As outras raças foram encontradas em baixa freqüência nos três locais.

Os híbridos 0021054 (ATF54A x CMSXS182R) e 0021060 (ATF14A x CMXSXS182R) tiveram altos valores de AACPD e foram suscetíveis à maioria das raças testadas, entre elas, as mais freqüentes em todos os locais. Altos valores de CAP e CAV foram obtidos pelas combinações entre os progenitores de tais híbridos, nos três locais avaliados.

TABELA 4: Reação e frequência de virulência de 20 híbridos experimentais de sorgo a 19 raças de *C. sublineolum*. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Raças	Híbridos/Reação																					
	BR009 ¹	09060	009061	000955	0226001	0303001	9920044	9920045	9920038	0304023	9920008	021059	0021060	0021054	0227003	9817026	0144013	0144015	0144007	0306034	0306004	
01.00	S	R	R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	
07.04	S	R	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
15.04	S	S	S	R	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	R
15.06	S	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R
21.28	S	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
23.21	S	R	S	R	S	S	S	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
23.31	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
29.15	S	S	S	S	S	R	S	R	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	R	R	R
29.28	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
29.31	S	S	R	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	R
31.00	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	R	R	R
31.04	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	R	R	S	S	S	R	R	R
31.05	S	R	S	S	R	R	S	S	S	S	R	S	R	S	S	R	S	S	S	S	S	R
31.12	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	S	R	R
31.15	S	S	S	S	R	R	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
31.23	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S
31.28	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	R
31.30	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
31.31	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
F.V ²	1,0	0,579	0,737	0,632	0,684	0,368	0,842	0,842	0,842	0,789	0,368	0,947	0,895	0,895	0,895	0,474	0,947	0,947	0,895	0,737	0,474	

¹Linhagem padrão de suscetibilidade. ²Frequência de virulência. R = Resistente e S= Suscetível

4 DISCUSSÃO

A severidade da doença observada para a maioria dos híbridos testados neste trabalho confirmou os resultados da análise da estrutura de virulência do patógeno, que indicou a ocorrência de virulência associada às combinações entre as linhagens restauradoras e macho-estéreis. Estes resultados estão de acordo com a afirmação de Browder & Eversmeyer (1977) de que o conhecimento da estrutura de virulência em populações do patógeno pode auxiliar na previsão de combinações favoráveis à geração de híbridos de alta resistência.

Grande parte das raças, às quais os híbridos foram suscetíveis, não foi detectada ou ocorreu em baixa frequência nos locais avaliados, conforme os dados de casa de vegetação. Este fato explica, pelo menos em parte, os resultados deste trabalho, visto que, em alguns casos, os híbridos que foram resistentes em mais de um local apresentaram resistência às raças mais frequentes na população do patógeno. Por outro lado, raças às quais eles foram suscetíveis estavam em baixa frequência ou ausentes nas populações dos locais de avaliação, como verificado para o híbrido 0304023, gerado pelo cruzamento entre CMSXS206A e a restauradora CMSXS180R.

Um outro fator que pode ter contribuído para a resistência deste híbrido é o fato de a linhagem CMSXS180R ser descendente da cultivar BR005R, que é usada como fonte de resistência ao patógeno. Outra possibilidade é que o(s) gene(s) de resistência proveniente(s) da linhagem CMSXS180R sejam genes de resistência forte, o que, conforme Mundt (1991), estaria mais ligado à eficiência da resistência que ao número de genes que a cultivar possui. Raças com virulência a genes fortes são menos agressivas (Vanderplank, 1982), o que está

de acordo com resultados obtidos sobre a agressividade de raças virulentas a cultivar BR005R (Casela et al., 2001).

A baixa severidade da doença observada nos híbridos suscetíveis às raças mais complexas e em maior frequência na população, como verificado para os genótipos 9817026 e 0306034, pode estar associada a uma perda em agressividade, devido ao acúmulo de virulência no patógeno, conforme Vanderplank (1968). Por outro lado, certas combinações de virulência no patógeno podem estar associadas a uma menor adaptação do mesmo, resultando em baixa frequência na população, conforme sugerem Vanderplank (1982) e Mundt (1991). Este fato foi observado em Jardinópolis, onde a raça mais complexa apresentou baixa frequência em relação a Sete Lagoas e Goiânia, e pode ter favorecido a baixa severidade da doença no híbrido 0306034 neste local.

Os genótipos com menor severidade da doença podem estar também expressando resistência horizontal pelo fato de ter sido detectada associação de virulência na população do patógeno a todas as combinações entre as linhagens A e R. A resistência pode ser horizontal devido ao acúmulo de diversos genes com efeitos de pequeno a intermediário (Parlevliet, 1993; Pedersen & Leath, 1988; Johnson, 1983). Portanto, a menor severidade da doença observada neste trabalho pode ser resultado da interação ou complementação entre os genes de resistência dos progenitores piramidados nos híbridos, conforme Huang et al. (1997).

Outra possibilidade é, ainda, que a resistência seja do tipo vertical incompleta, o que já foi verificado por Guimarães et al. (1998). Portanto, é recomendável que sejam realizados trabalhos que verifiquem a extensão da presença de resistência vertical incompleta no patossistema.

Um fator que pode comprometer a durabilidade da resistência é o aumento da área de plantio de uma determinada cultivar resistente. Tal fato

favorece a seleção de raças virulentas, fazendo com que a resistência seja superada pelo patógeno, gerando o que é conhecido como ciclo “boom-and-bust” de geração de cultivares (Aduña, 2004). Considerando-se que a resistência vertical da maioria das linhagens elites avaliadas neste trabalho foi já superada por raças de maior virulência do patógeno, fato este determinado pela alta variabilidade do mesmo, sugere-se que a piramidação de genes seja associada a outras estratégias, como rotação de genes e misturas de cultivares, como uma alternativa a favorecer a durabilidade da resistência de híbridos comerciais.

5 CONCLUSÕES

1. Somente o híbrido 0304023 apresentou resistência à doença, nos quatro locais avaliados.

2. Os híbridos 0306034 e 0226001 apresentaram resistência em Sete Lagoas, Jardinópolis e Jataí, e os híbridos 9920008, 0306004, 0227003, 9817026 e 0303001 em Sete Lagoas, Goiânia e Jataí.

3. Em Goiânia, além dos híbridos anteriores, o genótipo 9920044 e a linhagem 9910032R também apresentaram baixa severidade da doença.

4. O conhecimento da diversidade populacional de *C. sublineolum* e da reação de linhagens progenitoras é um critério válido para a previsão do comportamento de híbridos de sorgo em relação ao patógeno.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADUGNA, A. Alternate approaches in deploying for disease resistance in crop plants. **Asian Journal of Plants Sciences**, v.3, n.5, p.618-623, 2004.
- BROWDER, L.E.; EVERSMEYER, M.G. Pathogenicity associations in *Puccinia recondita tritici*. **Phytopathology**, v.67, p.766-771, 1977.
- BROWNING, J. A.; FREY, K.J. Multiline cultivars as a mean of disease control. **Annual Review Phytopathology**, v.7, p.355-382, 1969.
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Reação de genótipos de sorgo a sete patótipos de *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose. **Fitopatologia Brasileira**, v.12, n.1, p.60-62, 1987.
- COSTA, R.V. da. **Estudo da herança e manejo da antracnose do sorgo por meio da diversificação da população hospedeira**. 2004. 98f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Faculdade de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG..
- CRILL, P. **Evolution of the gene rotation concept for rice blast control**. Philippines. International Rice Research Institute, 1982. (Research Papers. 10).
- CARDWEL, K.F.; HEPPELY, P.R.; FREDERIKISEN, R.A. Pathotypes of *Colletotrichum graminicola* and transmission of sorghum anthracnose. **Plant disease**, v.73, p.255-257, 1989.
- GUIMARÃES, F.B. et al. Resistência dilatória de genótipos de sorgo a diferentes raças de *Colletotrichum graminicola*. **Summa Phytopathologica**, v.24, n.2, p.136-140, 1998.
- GUIMARÃES, F.B. et al. Avaliação da resistência de genótipos de sorgo à antracnose. **Summa Phytopathologica**, v.25, n.4, p.308-312, 1999b.
- HUANG, N. et al. Pyramiding of bacterial blight resistance genes in rice: marker-assisted selection using RFLP and PCR. **Theory Applied Genetic**, v.95, p.313-320, 1997.

JOHNSON, R. Genetic background of durable resistance. In: LAMBERT, F.; WALTER, J.M.; VAN DER GRAAFF, N.A. (Ed.). **Durable resistance in crops**. New York: Plenum 1983. v.55, p.5-26.

MUNDT, C.C. Probability of mutation to multiple virulence and durability of resistance gene pyramids: further comments. **Phytopathology**, v.81, n.3, p.240-242, 1991.

NELSON, R.R. **Breeding plants for disease resistance**: concepts and applications. Pennsylvania: Pennsylvania State University, 1973. 401p.

PARLEVLIET, J.E. What is durable resistance, a general outline. In: JACOBS, T.H.; PARLEVLIET, J.E. **Durability of disease resistance**. Kluwer: Academic, 1993. p. 23-391.

PEDERSEN, W.L.; LEATH, S. Pyramiding major genes for resistance to maintain residual effects. **Annual Review Phytopathology**, v.26, p.369-378, 1988.

SHANER, G.; FINNEY, R.E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in knox wheat. **Phytopathology**, v.67, p.1051-1056, 1977.

SHARMA, H.L. A technique for identifying and rating resistance to foliar diseases of sorghum under field conditions. **Proceeding Indian Academy Science**, v.42, p.278-283, 1983.

SILVA, F. S. e. Versão do programa computacional Assistat para o sistema operacional Windows. **Revista Brasileira de Produtos Agroindustriais**, Campina Grande, v.4, n.1, p.71-78, 2002.

TORRES, J.C.; VENTURA, J.A. Um programa para calcular a área e o volume abaixo da curva de progresso de doença. **Fitopatologia Brasileira**, v.16, p.52, 1991.

VANDERPLANK, J.E. **Disease resistance in plants**. London. New York: Academic, 1968. 206p.

VANDERPLANK, J.E. **Host-pathogen interaction in plant disease**. New York: Academic, 1982. 207p.

WOLFE, M.S. The current status and prospects of multiline and variety mixtures for disease resistance. **Annual Review Phytopathology**, v.23, p.251-273, 1985.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados deste trabalho possibilitaram observar que programas de melhoramento de sorgo visando resistência a *C. sublineolum* necessitam embasar-se em estudos que caracterizem a diversidade em populações do patógeno nos locais de plantio com a cultura. Se este conhecimento for aliado a previsões a respeito de combinações de linhagens capazes de gerar híbridos de alta resistência, será possível estabelecer estratégias que realmente levem à maior durabilidade da resistência. O acompanhamento contínuo da reação de linhagens progenitoras nestes locais, e de seus respectivos híbridos, em todas as fases do melhoramento, pode oferecer subsídios que indiquem em quais locais um determinado híbrido terá possibilidade de manter a resistência por maior tempo, ou seja, será possível regionalizar e distribuir os genes de resistência de forma a dar maior segurança ao produtor. Desenvolver híbridos resistentes é uma tarefa trabalhosa e que depende de alto investimento por parte das empresas. Portanto, quanto maior a vida útil de uma determinada cultivar, melhor terão sido aproveitados o tempo e os investimentos realizados durante o seu desenvolvimento.

ANEXOS

ANEXO A

TABELA 1A: Reação de 10 linhagens A e R a <i>C. sublineolum</i> , em Sete Lagoas, MG.	103
TABELA 2A: Reação de 10 linhagens A e R a <i>C. sublineolum</i> , em Uberlândia, MG.	104
TABELA 3A: Reação de 10 linhagens A e R a <i>C. sublineolum</i> , em Ipiacu, MG.	105
TABELA 4A: Reação de 10 linhagens A e R a <i>C. sublineolum</i> , em Goiânia, GO.	106
TABELA 5A: Reação de 10 linhagens A e R a <i>C. sublineolum</i> , em Palmeira de Goiás, GO.....	107
TABELA 6A: Reação de 10 linhagens A e R a <i>C. sublineolum</i> , em Jardinópolis, SP.....	108
TABELA 6A: Reação de 10 linhagens A e R a <i>C. sublineolum</i> , em Jardinópolis, SP.....	109

TABELA 1A: Reação de 10 linhagens A e R a *C. sublineolum*, em Sete Lagoas, MG. UFLA. Lavras-MG, 2006.

	05.00	23.00	23.21	23.22	29.00	29.04	29.12	31.04	31.05	31.07	31.12	31.13	31.14	31.15	31.16	31.20	31.22	31.23	31.28	31.30	31.31	
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR012R	R	S	S	S	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS180R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS182R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
9910032R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
ATF8A	R	R	S	R	R	R	R	R	S	S	R	S	R	S	R	R	R	S	R	R	R	S
ATF14A	R	R	R	S	R	R	R	R	R	S	R	R	S	S	R	R	S	S	R	S	S	S
ATF54A	R	R	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS206A	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	S	S	S	S	R	R	R	R	S	S	S	S
9409131A	R	R	S	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S
Total de isolados	1	1	1	1	1	1	1	5	3	2	2	1	1	6	1	1	1	4	1	1	14	

R = Resistente e S = Suscetível

TABELA 2A: Reação de 10 linhagens A e R a *C. sublineolum*, em Uberlândia, MG. UFLA. Lavras-MG, 2006.

	01.00	11.00	13.02	15.00	15.04	17.00	17.12	21.13	23.12	23.14	27.04	29.04	29.12	29.15	29.28	31.00	31.04	31.12	31.15	31.21	31.28	31.29	31.30	31.31	
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR012R	R	S	R	S	S	R	R	R	S	S	S	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS180R	R	R	S	S	S	R	R	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS182R	R	S	S	S	S	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
9910032R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
ATF8A	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	S	S	R	S	R	S	S
ATF14A	R	R	S	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	S	R	R	R	R	S	S
ATF54A	R	R	R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS206A	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	R	R	S	S	S	R	R	S	S	R	S	S	S	S	S
9409131A	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S
Total de Isolados	2	1	1	1	2	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	2	10	4	5	1	2	2	2	3	

R = Resistente e S = Suscetível

TABELA 3A: Reação de 10 linhagens A e R a *C. sublineolum*, em Ipiacú, MG. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Genótipos	07.04	15.04	15.06	15.12	23.04	29.28	31.00	31.02	31.04	31.06	31.07	31.08	31.09	31.12	31.13	31.14	31.15	31.20	31.28	31.31	
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR012R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS180R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS182R	R	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
9910032R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
ATF8A	R	R	R	R	R	R	R	R		;	S	R	S	R	S	R	S	R	R	R	S
ATF14A	R	R	S	R	R	R	R	S		;	S	R	R	R	R	S	S	R	R	R	S
ATF54A	S	S	S	S	S	S	R	R	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS206A	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S
9409131A	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S
total de isolados	1	1	1	2	1	1	9	1	10	2	1	4	1	5	5	3	3	1	1	1	

R = Resistente e S = Suscetível

TABELA 4A: Reação de 10 linhagens A e R a *C. sublineolum*, em Goiânia, GO. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Genótipo	03.00	15.20	23.08	23.12	23.31	31.00	31.02	31.04	31.07	31.10	31.11	31.12	31.13	31.14	31.15	31.23	31.30	31.31
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR012R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS180R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS182R	R	S	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
9910032R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
ATF8A	R	R	R	R	S	R	R	R	S	R	S	R	S	R	S	S	R	S
ATF14A	R	R	R	R	S	R	S	R	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S
ATF54A	R	S	R	S	S	R	R	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS206A	R	R	S	S	S	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	R	S	S
9409131A	R	S	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S
Total isolados	1	1	1	4	1	1	1	1	2	1	1	5	2	2	9	1	1	12

R = Resistente e S = Suscetível

TABELA 5A: Reação de 10 linhagens A e R a *C. sublineolum*, em Palmeira de Goiás, GO. UFLA. Lavras-MG, 2006.

	01.00	27.04	31.00	31.04	31.06	31.07	31.13	31.21	31.22	31.23
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR012R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS180R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS182R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S
9910032R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S
ATF8A	R	R	R	R	R	S	S	S	R	S
ATF14A	R	R	R	R	S	S	R	R	S	S
ATF54A	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS206A	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R
9409131A	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S
Total de isolados	1	1	4	4	3	2	1	1	1	1

R = Resistente e S = Suscetível

TABELA 6A: Reação de 10 linhagens A e R a *C. sublineolum*, em Jardinópolis, SP. UFLA. Lavras-MG, 2006.

	01.0 0	01.1 2	05.16	05.28	09.12	13.08	21.04	21.16	21.24	21.28	23.04	25.00	25.30	29.04	29.06	29.12
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR012R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R
CMSXS180R	R	R	S	S	R	S	S	S	S	S	S	R	R	S	S	S
CMSXS182R	R	R	R	R	S	S	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S
9910032R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
ATF8A	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
ATF14A	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	S	R
ATF54A	R	S	R	S	S	R	S	R	R	S	S	R	S	S	S	S
CMSXS206A	R	S	R	S	S	S	R	R	S	S	R	R	S	R	R	S
9409131A	R	R	S	S	R	R	R	S	S	S	R	R	S	R	R	R
Total de isolados	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	1	1	1	1	1	3

R = Resistente e S = Suscetível

“ continua..”

TABELA 6A: Reação de 10 linhagens A e R a *C. sublineolum*, em Jardinópolis, SP. UFLA. Lavras-MG, 2006.

Genótipos	29.16	29.20	29.23	29.24	29.28	29.29	29.30	29.31	31.04	31.06	31.09	31.12	31.15	31.28	31.30	31.31
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR012R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS180R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMSXS182R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
9910032R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
ATF8A	R	R	S	R	R	S	R	S	R	R	S	R	S	R	R	S
ATF14A	R	R	S	R	R	R	S	S	R	S	R	R	S	R	S	S
ATF54A	R	S	S	R	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S
CMSXS206A	R	R	R	S	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S
9409131A	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	R	R	R	S	S	S
Total de isolados	1	2	2	2	6	6	3	12	2	1	1	4	1	2	2	1

R = Resistente e S = Suscetível

ANEXO B

- TABELA 1B:** Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). 112
- TABELA 2B:** Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). 113
- TABELA 3B:** Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). 114
- TABELA 4B:** Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). 115
- TABELA 5B:** Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, através do teste estatístico Qui-quadrado (X^2). 116
- TABELA 6B:** Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). 117
- TABELA 7B:** Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado

na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2).	118
TABELA 8B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2).	119
TABELA 9B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2).	120
TABELA 10B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2).	121
TABELA 11B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2).	122
TABELA 12B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2).	123

TABELA 1B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens A e R, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações	Sete Lagoas								$X^2_{cal.}$
	FO V_1V_2	FE V_1V_2	FO A_1A_2	FE A_1A_2	FO V_1A_2	FE V_1A_2	FO A_1V_2	FE A_1V_2	
BR012R x ATF8A	31	28,520	4	1,520	15	17,480	0	2,480	7,094
BR012R x ATF14A	30	27,600	4	1,600	16	18,400	0	2,400	6,522
BR012R x ATF54A	44	42,320	2	0,320	2	3,680	2	3,680	10,421
BR012R x CMSXS206A	24	21,120	4	1,920	20	21,120	0	1,920	4,625
BR012R x 9409131A	25	23,000	4	2,000	21	23,000	0	2,000	4,348
CMSXS180R x ATF8A	31	31,000	0	0,000	19	19,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x ATF14A	30	30,000	0	0,000	20	20,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x ATF54A	46	46,000	0	0,000	4	4,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x CMSXS206A	27	27,000	0	0,000	23	23,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x 9409131A	25	25,000	0	0,000	25	25,000	0	0,000	0,000
CMSXS182R x ATF8A	30	28,520	3	1,520	16	17,480	1	2,480	2,526
CMSXS182R x ATF14A	29	27,600	3	1,600	17	18,400	1	2,400	2,219
CMSXS182R x ATF54	44	42,320	2	0,320	2	3,680	2	3,680	10,421
CMSXS182R x CMSXS206A	27	24,840	4	1,840	19	21,160	0	2,160	5,104
CMSXS182R x 9409131A	23	23,000	2	2,000	23	23,000	2	2,000	0,000
9910032R x ATF8A	31	31,360	1	0,760	18	18,620	1	1,280	0,162
9910032R x ATF14A	30	29,400	1	0,400	19	19,600	0	0,600	1,531
9910032R x ATF54	46	45,080	1	0,080	3	3,920	0	0,920	11,735
9910032R x CMSXS206	27	26,460	1	0,460	22	22,540	0	0,540	1,198
9910032R x 9409131A	25	24,500	1	0,500	24	24,500	0	0,500	1,020

$X^2_{tab} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 2B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens A e R, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações	Uberlândia								$X^2_{cal.}$
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
	V_1V_2	V_1V_2	A_1A_2	A_1A_2	V_1A_2	V_1A_2	A_1V_2	A_1V_2	
BR012R x ATF8A	11	10,920	8	7,920	28	28,080	3	3,080	0,004
BR012R x ATF14A	12	10,920	9	7,920	27	28,080	2	3,080	0,674
BR012R x ATF54A	35	31,920	5	1,920	3	6,080	7	10,080	7,739
BR012R x CMSXS206A	21	21,060	5	5,060	18	17,940	6	5,940	0,002
BR012R x 9409131A	10	7,800	11	8,800	29	31,200	0	2,200	3,526
CMSXS180R x ATF8A	14	12,320	6	4,320	30	31,680	0	1,680	2,652
CMSXS180R x ATF14A	14	12,320	6	4,320	30	31,680	0	1,680	2,652
CMSXS180R x ATF54A	40	36,960	4	0,960	4	7,040	2	5,040	13,023
CMSXS180R x CMSXS206A	26	23,760	5	2,760	18	20,240	1	3,240	3,826
CMSXS180R x 9409131A	10	7,800	11	8,800	29	31,200	0	2,200	3,526
CMSXS182R x ATF8A	12	11,480	7	6,480	29	29,520	2	2,520	0,182
CMSXS182R x ATF14A	12	11,480	7	6,480	29	29,520	2	2,520	0,182
CMSXS182R x ATF54	36	34,440	3	1,440	5	6,560	6	7,560	2,454
CMSXS182R x CMSXS206A	20	20,800	3	4,140	20	18,400	6	4,680	0,856
CMSXS182R x 9409131A	10	8,200	9	7,200	31	32,800	0	1,800	2,744
9910032R x ATF8A	14	12,040	7	5,040	29	30,960	0	1,960	3,165
9910032R x ATF14A	13	12,040	6	5,040	30	30,960	1	1,960	0,759
9910032R x ATF54	40	35,260	5	0,960	3	6,880	1	4,920	22,950
9910032R x CMSXS206	27	23,220	7	3,220	16	19,780	0	3,780	9,555
9910032R x 9409131A	10	8,600	7	5,600	33	34,400	0	1,400	2,035

$X^2_{tab} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 3B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações	Ipiacu								$X^2_{cal.}$
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
	V_1V_2	V_1V_2	A_1A_2	A_1A_2	V_1A_2	V_1A_2	A_1V_2	A_1V_2	
BR012R x ATF8A	11	10,796	1	0,796	42	42,204	0	0,204	0,261
BR012R x ATF14A	12	11,778	1	0,778	41	41,222	0	0,222	0,291
BR012R x ATF54A	38	38,278	0	0,278	15	14,722	1	0,722	0,392
BR012R x CMSXS206A	25	25,519	0	0,519	28	27,481	1	0,481	1,097
BR012R x 9409131A	3	3,926	0	0,926	50	49,074	1	0,074	12,736
CMSXS180R x ATF8A	11	11,000	0	0,000	43	43,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x ATF14A	12	12,000	0	0,000	42	42,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x ATF54A	39	39,000	0	0,000	15	15,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x CMSXS206A	26	26,000	0	0,000	28	28,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x 9409131A	4	4,000	0	0,000	50	50,000	0	0,000	0,000
CMSXS182R x ATF8A	11	10,593	2	1,593	41	41,407	0	0,407	0,531
CMSXS182R x ATF14A	12	11,556	2	1,556	40	40,444	0	0,444	0,593
CMSXS182R x ATF54	37	37,556	0	0,556	15	14,444	2	1,444	0,799
CMSXS182R x CMSXS206A	26	25,037	2	1,037	26	26,963	0	0,963	1,929
CMSXS182R x 9409131A	4	3,852	2	1,852	48	48,148	0	0,148	0,166
9910032R x ATF8A	11	9,981	5	3,981	38	39,019	0	1,019	1,410
9910032R x ATF14A	11	10,889	4	3,889	38	38,111	1	1,111	0,016
9910032R x ATF54	34	35,389	0	1,389	15	13,611	5	3,611	2,119
9910032R x CMSXS206	24	23,593	3	2,593	25	25,407	2	2,407	0,147
9910032R x 9409131A	4	3,630	5	4,630	45	45,370	0	0,370	0,441

$X^2_{tab} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 4B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações	Goiânia								$X^2_{cal.}$
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
	V_1V_2	V_1V_2	A_1A_2	A_1A_2	V_1A_2	V_1A_2	A_1V_2	A_1V_2	
BR012R x ATF8A	28	28,000	0	0,000	19	19,000	0	0,000	0,000
BR012R x ATF14A	31	31,000	0	0,000	16	16,000	0	0,000	0,000
BR012R x ATF54A	41	41,000	0	0,000	6	6,000	0	0,000	0,000
BR012R x CMSXS206A	39	39,000	0	0,000	8	8,000	0	0,000	0,000
BR012R x 9409131A	16	16,000	0	0,000	31	31,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x ATF8A	28	27,404	1	0,404	18	18,596	0	0,596	1,506
CMSXS180R x ATF14A	31	30,340	1	0,340	15	15,660	0	0,660	1,980
CMSXS180R x ATF54A	41	40,128	1	0,128	5	5,872	0	0,872	6,982
CMSXS180R x CMSXS206A	39	38,170	1	0,170	7	7,830	0	0,830	4,981
CMSXS180R x 9409131A	16	15,660	1	0,660	30	30,340	0	0,340	0,527
CMSXS182R x ATF8A	27	23,830	6	2,830	13	16,170	1	4,170	7,005
CMSXS182R x ATF14A	30	26,383	6	2,383	10	13,617	1	4,617	9,780
CMSXS182R x ATF54	36	34,043	2	0,766	4	5,106	4	5,106	2,580
CMSXS182R x CMSXS206A	33	33,191	1	1,191	7	6,809	6	5,809	0,044
CMSXS182R x 9409131A	15	13,617	6	4,617	25	26,383	1	2,383	1,430
9910032R x ATF8A	28	26,809	2	0,809	17	18,191	0	1,191	3,078
9910032R x ATF14A	31	29,681	2	0,681	14	15,319	0	1,319	4,047
9910032R x ATF54	40	39,255	1	0,255	5	5,745	1	1,745	2,600
9910032R x CMSXS206	39	37,340	2	0,340	6	7,660	0	1,660	10,183
9910032R x 9409131 ^a	15	15,319	1	1,319	30	29,681	1	0,681	0,237

$X^2_{tab} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 5B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações	Palmeira de Goiás								$X^2_{cal.}$
	FO V_1V_2	FE V_1V_2	FO A_1A_2	FE A_1A_2	FO V_1A_2	FE V_1A_2	FO A_1V_2	FE A_1V_2	
BR012R x ATF8A	5	4,737	1	0,737	13	13,263	0	0,263	0,377
BR012R x ATF14A	7	6,632	1	0,632	11	11,368	0	0,368	0,616
BR012R x ATF54A	14	13,263	1	0,263	4	4,737	0	0,737	2,956
BR012R x CMSXS206A	1	0,947	1	0,947	17	17,053	0	0,053	0,059
BR012R x 9409131A	2	1,895	1	0,895	16	16,105	0	0,105	0,124
CMSXS180R x ATF8A	5	4,474	2	1,474	12	12,526	0	0,526	0,798
CMSXS180R x ATF14A	7	6,263	2	1,263	10	10,737	0	0,737	1,304
CMSXS180R x ATF54A	13	12,526	1	0,526	4	4,474	1	1,474	0,647
CMSXS180R x CMSXS206A	1	0,895	2	1,895	16	16,105	0	0,105	0,124
CMSXS180R x 9409131A	3	2,684	2	1,684	14	14,316	0	0,316	0,419
CMSXS182R x ATF8A	5	4,737	1	0,737	13	13,263	0	0,263	0,377
CMSXS182R x ATF14A	7	6,632	1	0,632	11	11,368	0	0,368	0,616
CMSXS182R x ATF54	14	13,263	1	0,263	4	4,737	0	0,737	2,956
CMSXS182R x CMSXS206A	1	0,947	1	0,947	17	17,053	0	0,053	0,059
CMSXS182R x 9409131A	3	2,842	1	0,842	15	15,158	0	0,158	0,198
9910032R x ATF8A	5	4,737	1	0,737	13	13,263	0	0,263	0,377
9910032R x ATF14A	7	6,632	1	0,632	11	11,368	0	0,368	0,616
9910032R x ATF54	14	13,263	1	0,263	4	4,737	0	0,737	2,956
9910032R x CMSXS206	1	0,947	1	0,947	17	17,053	0	0,053	0,059
9910032R x 9409131 ^a	3	2,842	1	0,842	15	15,158	0	0,158	0,198

$X^2_{tab} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 6B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 20 combinações de linhagens restauradoras e macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações	Jardinópolis								$X^2_{cal.}$
	FO V_1V_2	FE V_1V_2	FO A_1A_2	FE A_1A_2	FO V_1A_2	FE V_1A_2	FO A_1V_2	FE A_1V_2	
BR012R x ATF8A	3	5,000	34	36,000	12	10,000	20	18,000	1,533
BR012R x ATF14A	5	5,217	35	35,217	10	9,783	19	18,783	0,018
BR012R x ATF54A	13	12,826	8	7,826	2	2,174	46	46,174	0,021
BR012R x CMSXS206A	10	11,522	11	12,522	5	3,478	43	41,478	1,108
BR012R x 9409131A	7	10,435	13	16,435	8	4,565	41	37,565	4,747
CMSXS180R x ATF8A	23	21,333	5	3,333	41	42,667	0	1,667	2,695
CMSXS180R x ATF14A	22	22,261	3	3,261	42	41,739	2	1,739	0,065
CMSXS180R x ATF54A	57	55,652	2	0,652	7	8,348	3	4,348	3,454
CMSXS180R x CMSXS206A	50	49,159	2	1,159	14	14,841	3	3,841	0,855
CMSXS180R x 9409131A	47	44,522	4	1,522	17	19,478	1	3,478	6,255
CMSXS182R x ATF8A	23	19,000	12	8,000	34	38,000	0	4,000	7,263
CMSXS182R x ATF14A	23	19,000	12	8,000	34	38,000	0	4,000	7,263
CMSXS182R x ATF54	51	48,739	4	1,739	6	8,261	8	10,261	4,161
CMSXS182R x CMSXS206A	46	43,783	5	2,783	11	13,217	7	9,217	2,785
CMSXS182R x 9409131A	42	40,478	5	3,478	15	16,522	7	8,522	1,135
9910032R x ATF8A	23	21,000	6	4,000	40	42,000	0	2,000	3,286
9910032R x ATF14A	23	21,913	5	3,913	40	41,087	1	2,087	0,951
9910032R x ATF54	56	53,870	3	0,870	7	9,130	3	5,130	6,686
9910032R x CMSXS206	49	48,391	2	1,391	14	14,609	4	4,609	0,380
9910032R x 9409131A	45	43,130	3	1,739	17	17,971	3	4,174	1,378

²_{tab} = 7,815 , * Associação significativamente positiva (P < 0,05)

TABELA 7B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações de linhagens	Sete Lagoas								X2 tab.
	FO V1V2	FE V1V2	FO A1A2	FE A1A2	FO V1A2	FE V1A2	FO A1V2	FE A1V2	
BR012R x CMSXS180R	46	46,000	0	0	0	0,000	4	4,000	0,000
BR012R x CMSXS182R	46	45,080	1	0,08	0	0,920	3	3,920	11,735
BR012R x 9910032R	46	45,080	1	0,08	0	0,920	3	3,920	11,735
CMSXS180R x CMSXS182R	46	46,000	0	0	4	4,000	0	0,000	0,000
CMSXS180R x 9910032R	49	49,000	0	0	1	1,000	0	0,000	0,000
CMSXS182R x 9910032R	46	45,08	1	0,08	0	0,920	3	3,920	11,735
ATF8A x ATF14A	26	19,22	14	7,22	5	11,780	5	11,780	16,563
ATF8A x ATF54A	31	28,52	4	1,52	0	2,480	15	17,480	7,094
ATF8A x CMSXS206A	21	16,74	13	8,74	10	14,260	6	10,260	6,202
ATF8A x 9904131 ^a	19	15,5	13	9,5	12	15,500	6	9,500	4,160
ATF14A x ATF54A	27	26,4	4	3,4	13	13,600	6	6,600	0,201
ATF14A x CMSXS20A	22	16,24	15	9,24	7	12,760	6	11,760	11,055
ATF14A x 9904131A	21	15	16	10	4	10,000	9	15,000	12,000
ATF54A x CMSXS206A	27	25,8	4	2,8	16	17,200	3	4,200	0,997
ATF54A x 9904131A	25	23,92	3	1,92	21	22,080	1	2,080	1,270
CMSXS206A x 9904131A	16	13,5	14	11,5	11	13,500	9	11,500	2,013

$X^2_{\text{tab}} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 8B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações de linhagens	Uberlândia								X2 tab.
	FO V1V2	FE V1V2	FO A1A2	FE A1A2	FO V1A2	FE V1A2	FO A1V2	FE A1V2	
BR012R x CMSXS180R	39	36,800	3	0,800	1	3,200	7	9,200	10,289
BR012R x CMSXS182R	37	34,440	4	1,440	4	6,560	5	7,560	8,977
BR012R x 9910032R	39	37,600	2	0,600	1	2,400	8	9,400	5,692
CMSXS180R x CMSXS182R	40	37,720	3	0,720	6	8,280	1	3,280	11,713
CMSXS180R x 9910032R	45	43,240	2	0,240	1	2,760	2	3,760	16,613
CMSXS182R x 9910032R	39	38,540	1	0,540	2	2,460	8	8,460	0,963
ATF8A x ATF14A	9	3,920	31	25,920	5	10,080	5	10,080	12,699
ATF8A x ATF54A	14	11,760	8	5,760	0	2,240	28	30,240	3,704
ATF8A x CMSXS206A	13	7,560	22	16,560	1	6,440	14	19,440	11,819
ATF8A x 9904131A	6	2,800	32	28,800	8	11,200	4	7,200	6,349
ATF14A x ATF54A	13	11,760	7	5,760	1	2,240	29	30,240	1,135
ATF14A x CMSXS20A	12	7,280	21	16,280	1	5,720	16	20,720	9,399
ATF14A x 9904131A	5	4,760	29	31,160	9	10,640	12	13,940	0,685
ATF54A x CMSXS206A	27	22,680	8	3,680	15	19,320	0	4,320	11,180
ATF54A x 9904131A	11	9,240	8	6,240	31	32,760	0	1,760	2,686
CMSXS206A x 9904131A	10	5,940	22	17,940	17	21,060	1	5,060	7,734

$X^2_{\text{tab}} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 9B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações de linhagens	Ipiacu								X2 tab.
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
	V1V2	V1V2	A1A2	A1A2	V1A2	V1A2	A1V2	A1V2	
BR012R x CMSXS180R	53	53,000	0	0,000	0	4,240	1	10,152	12,491
BR012R x CMSXS182R	51	51,037	0	0,037	2	8,480	1	3,542	6,813
BR012R x 9910032R	48	48,093	0	0,093	5	3,180	1	4,061	3,441
CMSXS180R x CMSXS182R	52	52,000	0	0,000	2	9,720	0	9,137	15,268
CMSXS180R x 9910032R	48	47,185	1	0,185	4	3,120	1	0,000	3,847
CMSXS182R x 9910032R	47	45,333	1	0,185	4	3,060	1	0,000	3,935
ATF8A x ATF14A	5	2,444	36	33,444	6	8,556	7	9,556	4,314
ATF8A x ATF54A	10	7,944	14	11,944	1	3,056	29	31,056	2,404
ATF8A x CMSXS206A	10	5,296	27	22,296	1	5,704	16	20,704	10,117
ATF8A x 9904131A	1	0,222	48	47,222	2	2,778	3	3,778	3,113
ATF14A x ATF54A	10	7,944	14	11,944	1	3,056	29	31,056	2,404
ATF14A x CMSXS20A	7	5,778	23	21,778	5	6,222	19	20,222	0,641
ATF14A x 9904131A	1	0,889	39	38,889	11	11,111	3	3,111	0,019
ATF54A x CMSXS206A	19	17,333	10	8,333	20	21,667	5	6,667	1,038
ATF54A x 9904131A	4	2,889	15	13,889	35	36,111	0	1,111	1,662
CMSXS206A x 9904131A	3	2,315	27	26,315	22	22,685	2	2,685	0,416

$X^2_{\text{tab}} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 10B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações de linhagens	Goiânia								X2 tab.
	FO V1V2	FE V1V2	FO A1A2	FE A1A2	FO V1A2	FE V1A2	FO A1V2	FE A1V2	
BR012R x CMSXS180R	46	46,000	0	0,000	1	1,000	0	0,000	0,000
BR012R x CMSXS182R	44	44,000	0	0,000	3	3,000	0	0,000	0,000
BR012R x 9910032R	45	45,000	0	0,000	0	0,000	2	2,000	0,000
CMSXS180R x CMSXS182R	44	43,064	1	0,064	2	2,936	0	0,936	14,986
CMSXS180R x 9910032R	45	44,043	1	0,043	1	1,957	0	0,957	22,989
CMSXS182R x 9910032R	44	43,085	1	0,085	1	0,043	1	0,085	24,577
ATF8A x ATF14A	26	18,468	14	6,468	2	9,532	5	12,532	22,321
ATF8A x ATF54A	27	25,021	4	2,021	1	2,979	15	16,979	3,639
ATF8A x CMSXS206A	28	25,021	5	2,021	0	2,979	14	16,979	8,246
ATF8A x 9904131A	14	9,532	17	12,532	14	18,468	2	6,468	7,855
ATF14A x ATF54A	29	27,702	3	1,702	2	3,298	13	14,298	1,679
ATF14A x CMSXS20A	27	25,723	4	2,723	4	5,277	12	13,277	1,093
ATF14A x 9904131A	15	10,213	15	10,213	15	19,149	1	5,447	9,017
ATF54A x CMSXS206A	37	34,851	3	0,851	5	7,149	2	4,149	7,318
ATF54A x 9904131A	16	14,298	5	3,298	26	27,702	0	1,702	2,888
CMSXS206A x 9904131A	14	13,277	6	5,277	25	25,723	2	2,723	0,351

$X^2_{\text{tab}} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 11B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações de linhagens	Palmeira de Goiás								X2 tab.
	FO V1V2	FE V1V2	FO A1A2	FE A1A2	FO V1A2	FE V1A2	FO A1V2	FE A1V2	
BR012R x CMSXS180R	17	16,105	1	0,105	1	1,895	0	0,895	8,972
BR012R x CMSXS182R	17	16,105	1	0,105	1	1,895	0	0,895	8,972
BR012R x 9910032R	18	17,053	1	0,053	0	0,947	0	0,947	19,000
CMSXS180R x CMSXS182R	17	16,105	1	0,105	0	0,895	1	1,895	8,972
CMSXS180R x 9910032R	17	16,105	1	0,105	0	0,895	1	1,895	8,972
CMSXS182R x 9910032R	18	17,053	1	0,053	0	0,947	0	0,947	19,000
ATF8A x ATF14A	3	1,842	10	8,842	2	3,158	4	5,158	1,564
ATF8A x ATF54A	5	3,684	5	3,684	0	1,316	9	10,316	2,423
ATF8A x CMSXS206A	1	0,263	11	8,684	4	3,947	0	0,579	3,260
ATF8A x 9904131A	2	0,789	13	11,789	3	4,211	1	2,211	2,991
ATF14A x ATF54A	7	5,158	5	3,158	0	1,842	7	8,842	3,958
ATF14A x CMSXS20A	0	0,368	11	11,368	7	6,632	1	0,632	0,616
ATF14A x 9904131A	2	1,105	11	10,105	5	5,895	1	1,895	1,362
ATF54A x CMSXS206A	1	0,737	5	4,737	13	13,263	0	0,263	0,377
ATF54A x 9904131A	3	2,211	5	4,211	11	11,789	0	0,789	1,272
CMSXS206A x 9904131A	0	0,158	15	15,158	1	0,842	3	2,842	0,198

$X^2_{\text{tab}} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

TABELA 12B: Número observado (FO) e esperado (FE) de isolados de *C. sublineolum* com virulência a 16 combinações entre linhagens restauradoras e entre macho-estéreis, baseado na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (X^2). UFLA. Lavras-MG, 2006.

Combinações de linhagens	Jardinópolis								X2 tab.
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
	V1V2	V1V2	A1A2	A1A2	V1A2	V1A2	A1V2	A1V2	
BR012R x CMSXS180R	15	13,913	5	3,913	0	1,087	49	50,087	1,497
BR012R x CMSXS182R	14	13,043	8	7,043	1	1,957	46	46,957	0,687
BR012R x 9910032R	15	13,696	6	4,696	0	1,304	48	49,304	1,825
CMSXS180R x CMSXS182R	58	56,580	2	0,580	6	7,420	3	4,420	4,244
CMSXS180R x 9910032R	61	58,435	3	0,435	3	5,565	2	4,565	17,871
CMSXS182R x 9910032R	59	55,696	4	0,696	2	5,304	4	7,304	19,445
ATF8A x ATF14A	16	8,000	38	30,000	7	15,000	8	16,000	18,400
ATF8A x ATF54A	22	19,667	9	6,667	1	3,333	37	39,333	2,865
ATF8A x CMSXS206A	21	17,667	14	10,667	2	5,333	32	35,333	4,068
ATF8A x 9904131A	21	15,000	19	13,087	2	7,000	24	28,043	9,226
ATF14A x ATF54AA	21	21,435	10	10,435	8	7,565	30	29,565	0,058
ATF14A x CMSXS20A	48	45,319	5	2,319	11	13,681	5	7,681	4,720
ATF14A x 9904131A	21	16,333	18	13,333	2	6,667	28	32,667	6,900
ATF54A x CMSXS206A	49	45,391	6	2,391	9	12,609	5	8,609	8,278
ATF54A x 9904131A	42	41,043	4	3,043	17	17,957	6	6,957	0,505
CMSXS206A x 9904131A	40	35,420	10	5,420	12	16,580	7	11,580	7,538

$X^2_{\text{tab}} = 7,815$, * Associação significativamente positiva ($P < 0,05$)

ANEXO C

TABELA 1C: Análise de variância da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), em 3 pontos de avaliação da antracnose do sorgo, em Sete Lagoas, MG, 2005. 124

TABELA 1C: Análise de variância da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), em 3 pontos de avaliação da antracnose do sorgo, em Sete Lagoas, MG, 2005. UFLA. Lavras-MG, 2006.

	F.V.	G.L	S.Q.	Q.M.	F
Ponto 1	Blocos	2	58630,032	29315,016	0,928 ns
	Tratamentos	29	9350190,567	322420,364	10,203**
	Resíduo	58	1832900,699	31601,736	
	Total	89	11241721,298		
Ponto 2	Blocos	2	203578,645	101789,322	7,426 **
	Tratamentos	29	8480662,581	292436,640	21,335 **
	Resíduo	58	794984,104	13706,622	
	Total	89	9479225,329		
Ponto 3	Blocos	2	131722,739	65861,3695	4,776 *
	Tratamentos	29	8875102,909	306038,031	22,194 **
	Resíduo	58	799790,424	13789,490	
	Total	89	9806616,072		

** significativo a 1% de probabilidade; * significativo al de 5% de probabilidade; ns = não significativo.