

**RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE SORGO E
DIVERSIDADE DE *Colletotrichum sublineolum***

DAGMA DIONÍSIA DA SILVA

2009

DAGMA DIONÍSIA DA SILVA

RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE SORGO E DIVERSIDADE DE
Colletotrichum sublineolum

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia, para a obtenção do título de “Doutor”.

Orientador
Prof. Dr. Hilário Antônio de Castro

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2009

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

Silva, Dagma Dionisia da.

Resistência de híbridos de sorgo e diversidade de *Colletotrichum sublineolum* / Dagma Dionísia da Silva. – Lavras : UFLA, 2009.
175 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2009.

Orientador: Hilário Antônio de Castro.

Bibliografia.

1. *Colletotrichum sublineolum*. 2. *Sorghum bicolor*. 3. Resistência genética. 4. Virulência. 5. Variabilidade. 6. Diversidade Genética. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 633.174940429
584.920429

DAGMA DIONÍSIA DA SILVA

RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE SORGO E DIVERSIDADE DE
Colletotrichum sublineolum

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia, para a obtenção do título de “Doutor”.

APROVADA em 09 de outubro de 2009

Dr. Carlos Roberto Casela	Embrapa/Milho e Sorgo
Prof. Dr. Eduardo Alves	UFLA
Prof. Dr. João Bosco dos Santos	UFLA
Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho	UFLA

Prof. Dr. Hilário Antônio de Castro
UFLA
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

A Deus, inspiração, proteção e força, em todos os momentos,
A Casela, por nunca usar seu prestígio e sucesso para se impor ou ferir a
dignidade de outras pessoas, pelos risos e sorrisos de todos os dias e por ser um
grande mestre em minha vida,

DEDICO.

Aos meus pais, José e Percília, pelos bons exemplos, dedicação, amor e apoio, e
por não permitir que nos faltasse a educação,
Aos meus sobrinhos, Camila, Everton, Caroline, Ana Clara, Mateus e Gabriel,

OFEREÇO.

AGRADECIMENTOS

A minha família, razão pela qual tudo se torna mais fácil.

À Casela, pela oportunidade, por valorizar meu trabalho, respeitar minhas ideias e pelos conhecimentos transmitidos.

A Darlan, pelo amor, pela dedicação, pelo apoio e companheirismo e por entender minha ausência.

Ao professor Hilário, pela orientação, disponibilidade, eficiência 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.

Aos pesquisadores Rodrigo Veras e Luciano Cota, pela ajuda no desenvolvimento deste trabalho, pela parceria nos trabalhos realizados no laboratório de fitopatologia e pelo carinho.

Ao pesquisador José Avelino, pela liberação de sementes de sorgo e preciosa colaboração.

Aos estudantes Cibele, Elaine, Amanda, Michele, Eduardo, Igor e Fabrício, pelo trabalho em equipe, pela preciosa ajuda, pelo carinho e amizade.

Aos funcionários dos campos experimentais da Embrapa/Milho e Sorgo, José Moreira, Dênio, Marquinho, Luciano, Lindomar e Reinaldo, pela disposição, pelo respeito e responsabilidade ao conduzir os experimentos, pelo carinho e agradável convivência.

Aos funcionários da Embrapa/Milho e Sorgo, em especial as meninas da biblioteca, Wânia, Maria Teresa e Conceição, a Edmar e Geraldo Magela do melhoramento de sorgo e ao motorista Noca.

Às pesquisadoras Eliane Gomes, Cláudia Teixeira e à Ubiraci, pela valiosa ajuda na análise molecular, pelas correções e conhecimentos passados.

Ao pesquisador Dr. Décio Karam, por ceder o espaço físico do Laboratório de Manejo de Plantas Daninhas, durante as reformas do Laboratório de Fitopatologia, permitindo a conclusão deste trabalho.

A Vagner Alves da Silva (Agência Rural/GO), pela amizade e ajuda nos trabalhos em Rio Verde, GO.

Ao meu irmão José Ricardo, pela edição das fotografias e minha sobrinha Camila, pela ajuda nas pesquisas da web.

A Adelmo e Cristóvão, do CNPAF e Cley Donizeti Martins Nunes do CPACT, pela condução dos ensaios em Goiânia e Pelotas.

A Dow Agrosiences, na pessoa do Dr. Paulo Dion e do Osmério, pelos isolados enviados, pela receptividade e valiosa colaboração no ensaio em Jardinópolis.

Aos colegas do Departamento de Fitopatologia, pela agradável convivência.

À Aretusa, grande amiga e afilhada, pela impressão e entrega da tese aos membros da banca, pela acolhida e pela alegria demonstrada em cada reencontro.

Às amigas Amanda, Eliana, Gleice e Nina, pelo companheirismo durante o tempo em que moramos juntas em Lavras e a Geila e Luciana, por me acolherem em sua casa.

Às queridas amigas Luciana Lima, Luciane, Élide, Marcella, Cristiane Máximo, Célia, Zuleide, Wanderléia e Zênia, pela força e carinho.

Aos professores do Departamento de Fitopatologia, pelo conhecimento transmitido.

À COMIGO, pelo espaço cedido para o experimento de Rio Verde, GO.

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

À Embrapa/Milho e Sorgo, por disponibilizar espaço físico, recursos humanos, por profissionalizar e valorizar os trabalhos de tese.

Ao CNPq, pela concessão de bolsa de estudos.

À Fapemig, pelo apoio financeiro para a participação em eventos.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO GERAL	i
ABSTRACT	ii
CAPÍTULO 1.....	1
1 Introdução Geral	2
2 Referencial Teórico.....	5
3 Referências Bibliográficas.....	18
CAPÍTULO 2: Reação de híbridos de sorgo a populações de <i>Colletotrichum sublineolum</i> no Brasil	25
Resumo	26
Abstract.....	27
1 Introdução	28
2 Material e Métodos	30
Etapa 1: Ensaio preliminar com híbridos forrageiros e graníferos	30
2.1 Condução dos ensaios.....	30
2.2 Avaliações.....	32
2.3 Análise e interpretação dos dados.....	32
2.4 Etapa 2: Ensaio de virulência de <i>C. sublineolum</i> a treze híbridos e duas linhagens de sorgo	33
2.5 Avaliações.....	34

2.6 Reação de treze híbridos de sorgo e duas linhagens a 158 isolados de <i>C. sublineolum</i> , em casa de vegetação	35
2.7 Obtenção dos isolados de <i>Colletotrichum sublineolum</i>	35
2.8 Produção e preparo de inóculo.....	35
2.9 Avaliação	36
2.10 Análise e interpretação dos resultados.....	37
3 Resultados e Discussão	38
3.1 Etapa 1: ensaio preliminar com híbridos forrageiros e graníferos de sorgo .	38
3.2 Etapa 2: ensaio de virulência de <i>C. sublineolum</i> a treze híbridos de sorgo e duas linhagens.....	44
4 Conclusões	55
5 Referências Bibliográficas	56
CAPÍTULO 3: Estrutura populacional e associação de virulência de <i>Colletotrichum sublineolum</i> a híbridos de sorgo em diferentes locais no Brasil	
Resumo	60
Abstract.....	61
1 Introdução	62
2 Material e Métodos	64
2.1 Avaliação	64
2.4 Análise e interpretação dos resultados.....	65
3 Resultados e Discussão	69
3.1 Estrutura populacional de <i>C. sublineolum</i> em diferentes locais no Brasil....	69

3.2 Associação de virulência em <i>C. sublineolum</i> a quinze genótipos de sorgo ..	77
4 Conclusões	90
5 Referências Bibliográficas	91
CAPÍTULO 4: Diversidade genética de <i>Colletotrichum sublineolum</i>	
provenientes de diferentes locais do Brasil	95
Resumo	96
Abstract	97
1 Introdução	98
2 Material e Métodos	100
2.1 Obtenção de massa micelal de <i>C. sublineolum</i>	100
2.2 Extração de DNA genômico	100
2.3 Amplificação do DNA	101
2.4 Avaliação	103
2.5 Análise e interpretação dos resultados	103
3 Resultados e Discussão	104
4 Conclusões	115
5 Referências Bibliográficas	116
Considerações finais	121
ANEXOS	122
Anexo A	122
Anexo B	140

Anexo C	164
---------------	-----

RESUMO GERAL

SILVA, Dagma Dionísia da. **Resistência de híbridos de sorgo e diversidade de *Colletotrichum sublineolum***. 2009. 175 p. Tese (Doutorado em Fitopatologia)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

O principal entrave para a contínua expansão da cultura do sorgo (*Sorghum bicolor*) no Brasil é a antracnose (*Colletotrichum sublineolum* Henn.), a mais severa doença dessa cultura, que está disseminada em todas as regiões produtoras de sorgo no país. O conhecimento da diversidade do patógeno e da reação a doença, de híbridos, em diferentes locais, pode ajudar no adequado manejo dessa doença. Os objetivos deste trabalho foram caracterizar a diversidade de *C. sublineolum* em locais de ocorrência de severas epidemias da doença, identificar híbridos com resistência a essas populações e combinações entre híbridos que possam ser utilizados em estratégias de manejo da doença no Brasil. Quinze híbridos de sorgo foram avaliados quanto à reação a *C. sublineolum* em cinco locais. Alta resistência em campo foi observada nos híbridos Volumax, DAS740, 735005 e 1G150, em todos os locais. A inoculação dos híbridos com 158 isolados permitiu identificar 121 raças do patógeno. Utilizaram-se coeficientes de associação de patogenicidade (CAP) e de virulência (CAV), para verificar a ocorrência de dissociação ou associação de virulência a essas combinações. Os híbridos Volumax, DAS740 e a linhagem SC283 apresentaram o maior número de combinações com dissociação de virulência de acordo com CAP e CAV. A estrutura populacional e a distribuição de *C. sublineolum* foram analisadas por meio de três índices de diversidade fenotípica, de um índice de complexidade e por diversidade genética. Maiores diversidade e complexidade foram verificadas em Sete Lagoas. Cinquenta e quatro genótipos de *C. sublineolum* foram identificados por meio de marcador ISSR. Não houve relação entre raças de *C. sublineolum*, virulência em plantas e marcadores ISSR utilizados. O agrupamento dos isolados por origem geográfica foi observado.

*Comitê orientador: Hilário Antônio de Castro – UFLA (orientador), Carlos Roberto Casela – Embrapa/ Milho e Sorgo (coorientador).

ABSTRACT

SILVA, Dagma Dionísia da. **Resistance of sorghum hybrids and diversity of the *Colletotrichum sublineolum***. 2009. 175 p. Tese (Doctorate in Plant pathology) – Federal University of Lavras, Lavras, MG*.

The increase in cropped sorghum (*Sorghum bicolor*) in Brazil is hampered by anthracnose (*Colletotrichum sublineolum* Henn.), the most severe sorghum disease, which is disseminated throughout growing fields in the country. The knowledge of pathogen diversity and the reaction of hybrids to the disease in different areas can help in the disease suitable management. The objective of this work was to characterize the diversity of *C. sublineolum* populations in areas where severe epidemics occur, to identify hybrids with resistance to those populations and to identify sorghum hybrid combinations able to control the disease in different areas of Brazil. Fifteen sorghum hybrids were evaluated for the reaction to *C. sublineolum* in five areas. Higher field resistance was observed in Volumax, DAS740, 735005 and 1G150 hybrids throughout the studied sites. The hybrid inoculation with 158 isolates allowed to identify 121 races of the pathogen. Coefficients of pathogenicity associations (PAC) and virulence associations (VAC) were used to verify the occurrence of virulence dissociation or association to those combinations. According to the CAP and CAV the Volumax and DAS740 hybrids and the SC283 line showed the higher number of combinations with virulence dissociation. The population structure and distribution of *C. sublineolum* in five areas were analyzed through three phenotypic diversity indexes and through molecular markers. The highest diversity and complexity were verified in Sete Lagoas. Fifty four genotypes of *C. sublineolum* were identified through ISSR marker. No association between races of the pathogen and virulence in plants was verified with the molecular markers. The clustering of isolates with geographic origin was observed.

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

CAPÍTULO 1

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 236,36% na produção nos últimos dez anos, desde a safra de 1999/2000 que foi de 781,4 mil toneladas, até 1.846,9 mil toneladas estimados para a safra de 2008/2009. Nesse mesmo período, a área plantada no país passou de 543,2 para 815,2 mil hectares, correspondendo a um aumento de 150,7% e a produtividade passou de 1.439,0 para 2.266,0 kg/ha, o que reflete em aumento de 157,47% (Companhia Nacional de Abastecimento-CONAB, 2009).

O sorgo é o quinto cereal mais importante no mundo em termos de produção e área plantada (Food and Agriculture Organization of the United Nations-FAO, 2009) e, com um genoma menor que o do milho, é um importante modelo para gramíneas tropicais, sendo fonte de alimentação, nutrição, combustível e fibras em diversos ambientes e sistemas de produção (Perumal et al., 2009).

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.), a ferrugem (*Puccinia purpurea* Cooke), o míldio (*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) (Casela et al., 1997).

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., 1996, 1997, 2001; Valério et al., 2005; Silva et al., 2008).

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 (Casela & Ferreira, 1987; Guimarães et al., 1999). A identificação de resistência em híbridos comerciais e em fase de melhoramento, em diferentes regiões, é uma etapa imprescindível diante da alta variabilidade deste patógeno.

Aliado a esse conhecimento, a obtenção de informações sobre a estrutura populacional do patógeno por meio de virulência em plantas e análise molecular pode ajudar a esclarecer fatores que levam à alta variabilidade em *C. sublineolum*. Este tipo de informação é importante para programas de melhoramento e também para a definição de estratégias de manejo da doença,

que permitam o melhor aproveitamento dos genes de resistência e maior durabilidade da resistência.

Este trabalho foi realizado com os objetivos de identificar híbridos de sorgo com alto nível de resistência a populações de *C. sublineolum* de diferentes locais no Brasil, identificar combinações de híbridos para as quais a virulência encontra-se dissociada e que possam ser usadas na validação de estratégias de manejo da resistência e caracterizar populações de *C. sublineolum* por meio da avaliação da estrutura de virulência e da diversidade genética.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

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

O sorgo (família *Gramineae*) é uma planta andromonoica, basicamente autógama, com taxa de polinização cruzada em torno de 5% que ocorre, principalmente, pelo vento. Sua origem está, provavelmente, na África Central, na região da Etiópia e Sudão, entre 5 e 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 Pinho & Vasconcelos (2002), o sorgo teria, para os povos africanos, a mesma importância que o milho para os americanos.

A planta é utilizada 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 semiáridos 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 (Ruas et al., 1988; Guimarães et al., 1999; Pinho & Vasconcelos, 2002).

Três tipos de sorgo são cultivados no Brasil: o granífero, o forrageiro e o tipo vassoura. 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 a produção de vassouras. O sorgo granífero é utilizado 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. O sorgo forrageiro é bastante plantado no sul de Minas Gerais e no Vale do Paraíba, em São Paulo (Pinho & Vasconcelos, 2002; Santos et al., 2005).

A cultura é mais plantada em sucessão à soja, 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 (Guimarães et al., 1999; Pinho & Vasconcelos, 2002).

Os países que mais se destacam na produção mundial são 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 (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.

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; 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 semiárido nordestino e norte-mineiro. Apesar de essa 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 (Pinho & Vasconcelos, 2002).

2.2 O patógeno (*Colletotrichum sublineolum* Henn.)

Colletotrichum sublineolum Henn. era considerado 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 *C. graminicola* e a espécie de sorgo como *C. sublineolum*. Esta diferença foi evidenciada por análise de isoenzimas, DNA e sequenciamento de rDNA (Vaillancourt & Hanau, 1992; Sherriff et al., 1995; Horvarth & Vargas Júnior, 2004).

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). A produção de conídio oval foi relatada por Panaccione et al. (1989). Conídios ovais com dois núcleos representaram 30% da população e conídios ovais com três e quatro núcleos, menos de 10%. A produção de conídios multinucleados indica que a heterocariose pode ser um processo que contribui para a variabilidade deste patógeno (Casela & Frederiksen, 1994). Mais recentemente, Souza-Paccola et al. (2003), avaliando a ocorrência de recombinação genética neste fungo, relataram que todos os isolados produziram conídios ovais em meio líquido. Heterocarions foram obtidos utilizando-se esse tipo de conídio que, segundo os autores, representam uma ferramenta útil em trabalhos sobre genética de *C. sublineolum*.

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*), 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 (Warren, 1986; Ali & Warren, 1992; Casela & Frederiksen, 1993; Casela & Ferreira, 1998).

2.3 Variabilidade em *Colletotrichum sublineolum* Henn.

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 (1967), vários outros 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 (Harris & Sowel, 1970; Frederiksen & Rosenow, 1971; Pastor-Corrales & Frederiksen, 1978; Rosewich et al., 1998; Mathur et al., 2001; Casela et al., 2004; Valério et al., 2005; Silva et al., 2008).

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). Criou-se, então, 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 por Casela & Ferreira (1998). Neste sistema, as cultivares BR008, BR005 e CMSXS136 permitiram separ 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 trabalhos mais recentes, Casela et al. (2004), Valério et al. (2005) e Silva et al. (2008) identificaram 75, 22 e 70 raças, de um total de 314, 34 e 289 isolados monospóricos avaliados, respectivamente. No primeiro trabalho, 45 raças foram identificadas em cada ano e 16 delas foram comuns em dois anos de

coleta. Dezesesseis raças corresponderam a 68% do total de isolados testados e somente quatro delas foram detectadas 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).

Casela et al. (2001), avaliando 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.

2.4 Utilização de marcadores moleculares para análise da variabilidade em *C. sublineolum*

Os trabalhos sobre a variabilidade de *C. sublineolum* baseiam-se 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 (White et al., 1987; Mathur et al., 2003). 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 trabalho fica limitado às diferenciadoras utilizadas, não havendo o conhecimento real da variabilidade do patógeno em todas as regiões produtoras. A utilização de marcadores moleculares pode ajudar na solução desse problema, considerando que permite

uma análise direta, sem que o genoma sofra influência do ambiente (Talamini et al., 2006).

Marcadores moleculares são utilizados em análise genética de várias situações, como identificação de clones, linhagens, híbridos, cultivares, paternidade, estimativa de diversidade, fluxo gênico, taxa de cruzamento, parentesco e construção de mapas genéticos (Buso et al., 2003).

A utilização de marcadores RAPD em isolados de *C. sublineolum* obtidos na África, Estados Unidos, Índia e Porto Rico indicou alta variabilidade e características baseadas na região geográfica. Maior homogeneidade foi observada na população de Porto Rico e pode ter sido determinada pelo isolamento geográfico do *pool* gênico neste local (Guthrie et al., 1992). Valério et al. (2005) avaliaram a diversidade deste patógeno por meio de virulência e marcadores RAPD e RFLP. Não foi observada correlação entre as raças, classificadas por meio de virulência, e os agrupamentos genéticos obtidos pelos marcadores moleculares. Em todas as regiões, a diversidade por meio de virulência foi maior que aquela gerada por marcadores, mas houve tendência de agrupamento dos isolados de acordo com a região geográfica, indicando a existência de barreiras físicas ou biológicas que limitam o fluxo gênico entre populações.

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 da linhagem parcialmente resistente, SC326-6, usada como genitor em programas de melhoramento genético visando resistência à antracnose e que se manteve resistente em algumas áreas por mais de 10 anos, resultaram em três raças diferentes, quando avaliados 140 isolados obtidos dessa linhagem. A busca por marcadores que possibilitem a associação entre marcadores moleculares e

virulência, na interação sorgo-*C. sublineolum*, é necessária e pode possibilitar a piramidação de genes de resistência a diferentes raças, como já observado na interação feijoeiro-*C. lindemuthianum* (Mesquita et al., 1998; Ferreira et al., 1999).

Em sorgo, a utilização de marcadores microssatélites permitiu a separação de isolados de *Peronosclerospora sorghi* de outras espécies causadoras de míldio em milho (*P. maydis* e *P. philippinensis*), cana-de-açúcar (*P. sacchari*), milheto (*Sclerospora graminicola*) e roseira (*Peronospora sparsa*) e identificar variabilidade entre dezenove isolados de *P. sorghi*. Segundo os autores, a técnica de microssatélites pode ser utilizada para formular estratégias de melhoramento visando à resistência a populações locais do patógeno e para monitorar a emergência de novas raças virulentas (Perumal et al., 2008).

Outro tipo de marcador baseado nas repetições microssatélites é o ISSR (sigla para o inglês *inter-simple sequence repeat*), um marcador dominante que amplifica entre sequências microssatélites utilizando um único *primer*, composto por uma sequência repetida e ancorada com dois a quatro nucleotídeos em uma das extremidades (Zietkiewicz et al., 1994; Caixeta et al., 2009).

Por meio de ISSR e RAPD, oito grupos de isolados endofíticos do gênero *Colletotrichum*, amostrados em doze espécies florestais foram erificados. Os autores concluíram que as populações de *Colletotrichum* eram altamente variáveis em termos genéticos e mostravam pouca ou nenhuma evidência de clonabilidade e ausência de especificidade ao hospedeiro (Lu et al., 2004). A avaliação da estrutura populacional de *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris*, agente etiológico da murcha-de-grão-de-bico, por meio de ISSR, também permitiu identificar um alto nível de variabilidade entre isolados. Neste trabalho, marcadores RAPD também foram utilizados, porém, marcadores tipo ISSR foram mais informativos, devido a um maior polimorfismo identificado entre os isolados (Bayraktar et al., 2008). No fungo entomopatogênico *Beauveria*

bassiana, esta técnica permitiu a diferenciação entre espécies e uma associação com a origem geográfica (Wang et al., 2005) e, em alguns casos, associação entre isolados similares do fungo com insetos nos quais o fungo foi amostrado (Takatsuka, 2007).

Estes trabalhos mostraram que um grande número de informações sobre populações de patógenos é obtido por meio de marcadores moleculares e podem ajudar a esclarecer fatores que influenciam a variabilidade entre isolados e entre regiões. Esse tipo de conhecimento pode ser uma ferramenta útil para definição de estratégias que aumentem a durabilidade da resistência.

2.5 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 & Frederiksen, 1994; Casela et al., 1998).

A doença se expressa em três 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 5 mm 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, adquire 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 cancos 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 o resultado da redução da germinação das sementes e da 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 (Harris & Sowel, 1970; Pande et al., 1994; Casela & Ferreira, 1998).

2.6 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 ela 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 (Crute & Pink, 1996; Adugna, 2004). 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 (Pink, 2002; Adugna, 2004).

Entre as estratégias para aumentar a resistência de plantas a patógenos, a piramidação de genes, que consiste na incorporação, em um mesmo genótipo, de dois ou mais genes de resistência, é a mais conhecida e amplamente utilizada (Browning & Frey, 1969; Nelson, 1973; Crill, 1982; Wolfe, 1985). No entanto, outras estratégias podem ser usadas, como, por exemplo, distribuir os genes no espaço e no tempo (manejo temporal). Neste caso, os genes utilizados 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 recomendadas 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 (Parlevliet, 1993; Crute & Pink, 1996; Casela et al., 2001).

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 agronômicas (ex. época de colheita, altura de plantas), o que nem sempre ocorre (Crute & Pink, 1996).

Outras estratégias de manejo da doença são a ciclagem 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 ideia 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 agronômicas 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 essas 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. Para que tais estratégias tenham sucesso, é importante que se conheça o comportamento de linhagens e híbridos comerciais em diferentes condições, bem como a estrutura das populações do patógeno em que poderão ser implantadas.

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

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

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

BAYAKATAR, H.; DOLAR, F.S.; MADEN, S. Use of RAPD and ISSR markers in detection of genetic variation and population structure among *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* isolates on Chickpea in Turkey. **Journal Phytopathology**, Saint Paul, v.156, n.3, p.146-154, Mar. 2008.

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

BUSO, G.S.C.; CIAMPI, A.Y.; MORETZSONH, M.C.; AMARAL, Z.P.S. **Protocolo para desenvolvimento de marcadores microssatélite**. Brasília: EMBRAPA - Cenargem, 2003. 11p. (Circular Técnica, 20).

CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKIYAMA, N.S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Ed.). **Marcadores moleculares**. 2.ed. Viçosa, MG: UFV, 2009. p.11-94, 532p.

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

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**, Brasília, v.21, n.3, p.357-361, set. 1996.

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

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

CASELA, C.R.; FREDERIKSEN, R.A. Survival of *Colletotrichum graminicola* sclerotia in sorghum stalk residue. **Plant Disease**, Quebec, v.77, n.8, p.825-827, Aug. 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**, Brasília, v.19, n.2, p.149-153, jun. 1994.

CASELA, C.R.; GUIMARÃES, F.B. Rotação de genes no manejo da resistência a doenças. **Revisão Anual de Patologia de Plantas**, Passo Fundo, v.13, p.321-349, 2005.

CASELA, C.R.; PINTO, N.F.J.A.; OLVEIRA, E.; FERREIRA, A.S. Sorgo (*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.

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**, Sete Lagoas, v.3, n.1, p.30-37, jan. 2004.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra 2008/2009**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 15 ago. 2009.

CRILL, P. **Evolution of the gene rotation concept for rice blast control**: a compilation of 10 research papers international rice research institute. Manila: International Rice Research Institute, 1982. 222p. (Research Papers, 10).

CRUTE, I.R.; PINK, D.A. Genetics and utilization of pathogen resistance in plants. **The Plant Cell**, Rockville, v.8, n.10, p.1747-1755, Oct. 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, n.1, p.83-87, mar. 1986.

FERREIRA, C.F.; BORÉM, A.; CARVALHO, G.A.C.; NIETSCH, S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Identificação de marcador RAPD ligado ao gene de resistência à raça 63.39 da mancha-angular do feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v.58, n.2, p.247-252, abr. 1999.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **The world sorghum and millet economies: facts, trends and outlook**. Disponível em: <<http://www.fao.org>>. Acesso em: 15 set. 2009.

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

GUIMARÃES, F.B.; CASELA, C.R.; SANTOS, F.G.; FERREIRA, A.S. Controle da antracnose do sorgo através da utilização de misturas de culturas. **Summa Phytopathologica**, Jaguariúna, v.24, n.2, p.131-135, abr./jun. 1998.

GUIMARÃES, F.B.; CASELA, C.R.; SANTOS, F.G.; PEREIRA, J.C.R.; FERREIRA, A.S. Avaliação da resistência de genótipos de sorgo à antracnose. **Summa Phytopathologica**, Jaguariúna, v.25, n.4, p.308-312, out./dez. 1999.

GUTHRIE, P.A.I.; MAGILL, C.W.; FREDERIKSEN, R.A.; ODVODY, G.N. Random amplified polymorphic DNA markers: a system for identifying and differentiating isolates of *Colletotrichum graminicola*. **Phytopathology**, Saint Paul, v.82, n.8, p.832-835, Aug. 1992.

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

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

HORVATH, B.J.; VARGAS JUNIOR, J.M. Genetic variation among *Colletotrichum graminicola* isolates from four hosts using isozyme analysis. **Plant Disease**, Quebec, v.88, n.4, p.402-406, Aug. 2004.

LU, G.; CANNON, P.F.; REID, A.; SIMMONS, C.M. Diversity and molecular relationships of endophytic *Colletotrichum* isolates from the Iwokrama Forest Reserve, Guyana. **Mycological Research**, Cambridge, v.108, n.1, p.53-63, Jan. 2004.

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.; RAO, V.P.; THAKUR, R.P.; SIVARAMAKRISHNAN, S. RAPDs and virulence analysis for characterizing pathogenic variability in *Colletotrichum graminicola* isolates infecting sorghum. In: FRONTIERS IN FUNGAL BIOTECHNOLOGY AND PLANT PATHOGEN RELATIONS, 1., 2001, Manoharachary. **Proceedings...** Manoharachary: FFBPP, 2001. p.12-21.

MATHUR, K.; THAKUR, R.P.; NEYA, A.; MARLEY, P.S.; CASELA, C.R.; ROSEWICH, L.U. Sorghum anthracnose: problem and management strategies. In: GLOBAL 2000: SORGHUM AND MILLET DISEASES, 3., 2000, Guanajuato. **Proceedings...** Instomil: Sorghum and Millet International Research, 2003. p.1-27.

MESQUITA, A.G.G.; PAULA JUNIOR, T.J.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Identification of races of *Colletotrichum lindemuthianum* with the aid of PCR-based molecular markers. **Plant Disease**, Quebec, v.82, n.10, p.1084-1087, Oct. 1998.

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

PANACCIONI, D.G.; VAILLANCOURT, L.J.; HANAU, R.M. Conidial dimorfismo in *Colletotrichum graminicola*. **Mycologia**, New York, v.81, n.6, p.876- 883, Nov./Dec. 1989.

PANDE, S.; THAKUR, R.P.; KARUNAKAR, R.I.; BANDYOPADHYAY, R.; REDDY, B.V.S. Development of screening methods and identification of stable resistance to anthracnose in sorghum. **Field Crops Research**, Saint Paul, v.38, n.3, p.157-166, Sept. 1994.

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

PASTOR-CORRALES, D.; FREDERIKSEN, R.A. Sorghum anthracnose. In: INTERNATIONAL WORKSHOP OF SORGHUM DISEASES, 1., 1978, Hyderabad. **Proceedings...** Andhra Pradesh: ICRISAT, 1978. p.289-294.

PERUMAL, R.; MENZ, M.A.; MEHTA, P.J.; KATILÉ, L.A.; GUTIERREZ-ROJAS, R.R.; KLEIN, P.E.; PROM, L.K.; SCHLUETER, J.A.; ROONEY, W.L.; MAGILL, C.W. Molecular mapping of *Cg1*, a gene for resistance to anthracnose (*Colletotrichum sublineolum*) in sorghum. **Euphytica**, Wageningen, v.165, n.3, p.597-606, Feb. 2009.

PERUMAL, R.; NINMKAYALA, P.; ERATTAMUTHU, S.R.; NO, E.G.; REDDY, U.K.; PROM, L.K.; ODVODY, G.N.; LUSTER, D.G.; MAGILL, C.W. Simple sequence repeat markers useful for sorghum downy mildew (*Peronosclerospora sorghi*) and related species. **BMC Genetics**, Bethesda, v.9, n.77, Nov. 2008. No page.

PINHO, R.G. von; VASCONCELOS, R.C. **Cultura do sorgo**. Lavras: UFLA/FAEPE, 2002. 76p. (Texto Acadêmico).

PINK, D.A.C. Strategies using genes for non-durable disease resistance. **Euphytica**, Wageningen, v.124, n.2, p.227-236, Mar. 2002.

ROSEWICH, L.U.; PETTWAY, R.E.; MCDONALD, B.A.; DUNCAN, R.R.; FREDERIKSEN, R.A. Genetic structure and temporal dynamics of a *Colletotrichum graminicola* population in a sorghum disease nursery. **Phytopathology**, Saint Paul, v.88, n.10, p.1087-1093, Oct. 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).

SANTOS, F.G.; CASELA, C.R.; WAQUIL, J.M. Melhoramento do sorgo. In: BORÉM, A. **Melhoramento das espécies cultivadas**. 2.ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. p.605-812.

SHERIFF, C.; WHELAN, M.J.; ARNOLD, G.M.; BAILEY, J.A. Rdna sequence analyses confirms the distinction between *Colletotrichum graminicola* and *C. sublineolum*. **Mycological Research**, Cambridge, v.99, n.4, p.475-478, Apr. 1995.

SILVA, D.D.; CASELA, C.R.; CASTRO, H.A.; SANTOS, F.G.; FERREIRA, A.S. Diversidade populacional de *Colletotrichum sublineolum*, em seis localidades no Brasil. **Summa Phytopathologica**, Jaguariúna, v.34, n.2, p.149-155, abr./jun. 2008.

SOUZA-PACCOLA, E.A.; FÁVARO, L.C.L.; CASELA, C.R. Genetic recombination in *Colletotrichum sublineolum*. **Journal of Phytopathology**, Saint Paul, v.151, n.6, p.329-334, June 2003.

SUTTON, B.C. The apressoria of *Colletotrichum graminicola* e *Colletotrichum falcatum*. **Canadian Journal Botany**, Ottawa, v.46, n.7, p.873-876, July 1968.

TAKATSUKA, J. Characterization of *Beauveria bassiana* isolates from Japan using inter-single-sequence-repeat-anchored polymerase chain reaction (ISSR-PCR) amplification. **Applied Entomology and Zoology**, Tokyo, v.42, n.4, p.563-571, Dec. 2007.

TALAMINI, V.; SOUZA, E.A.; POZZA, E.A.; SILVA, G.F.; ISHIKAWA, F.H.; CAMARGO JÚNIOR, O.A. Genetic divergence among and *Colletotrichum lindemuthianum* races assessed by RAPD. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.31, n.6, p.545-550, dez. 2006.

VAILLANCOURT, L.J.; HANAU, R.M. Genetic and morphological comparisons of *Glomerella (Colletotrichum)* isolates from maize and from sorghum. **Experimental Mycology**, Cambridge, v.16, n.3, p.219-229, Sept. 1992.

VALÉRIO, H.M.; RESENDE, M.A.; WEIKERT-OLIVEIRA, R.C.B.; CASELA, C.R. Virulence and molecular diversity in *Colletotrichum graminicola* from Brazil. **Mycopathologia**, Den Haag, v.159, n.3, p.449-459, Apr. 2005.

WANG, S.; MIAO, X.; ZHAO, W.; HUANG, B.; FAN, M.; LI, Z.; HUANG, Y. Genetic diversity and population structure among strains of the entomopathogenic fungus, *Beauveria bassiana*, as revealed by inter-simple sequence repeats (ISSR). **Mycological Research**, Cambridge, v.109, n.12, p.1364-1372, Dec. 2005.

WARREN, H.L. Foliar disease-leaf anthracnose. In: FREDERIKSEN, R.A. (Ed.). **Compendium of sorghum diseases**. Texas: American Phytopathological Society, 1986. p.10-11.

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

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

ZIETKIEWICZ, E.; RAFALSKI, A.; LABUDA, D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. **Genomics**, San Diego, v.20, n.3, p.176-183, 1994.

**CAPÍTULO 2: REAÇÃO DE HÍBRIDOS DE SORGO A POPULAÇÕES
DE *Colletotrichum sublineolum* NO BRASIL**

RESUMO

Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a reação de híbridos de sorgo a populações de *Colletotrichum sublineolum* em diferentes locais no Brasil em que ocorrem severas epidemias de antracnose. Cinco híbridos forrageiros e oito graníferos foram avaliados em Goiânia, GO, em Jardinópolis, SP, em Rio Verde, GO e em Sete Lagoas, MG, quanto à severidade da doença. Em Sete Lagoas foram realizadas avaliações semanais na safra de verão 2008/2009 e de inverno em 2009. Os dados foram transformados em área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) e analisados estatisticamente. Isolados de *C. sublineolum* amostrados em Campo Novo do Parecis, MT, Goiânia, GO, Jardinópolis, SP, Patos de Minas, MG, Pelotas, RS e Sete Lagoas, MG, foram analisadas quanto à frequência de virulência aos híbridos. Os híbridos Volumax, DAS740, 1G150 e 735005, apresentaram baixa severidade e AACPD em todos os locais e plantios, sendo considerados como portadores de alta resistência. Os híbridos BRS308, 9920045, 9920044 e 1F305, apesar de apresentarem baixos valores de AACPD, mostraram variação em severidade entre os locais, mas foram considerados como resistentes. DKB599 e BR310 apresentaram resistência intermediária e o híbrido apresentou suscetibilidade semelhante à do padrão de suscetibilidade BR009. Na safra 2008/2009, maiores valores de AACPD foram observados em relação ao plantio de 2009. A menor frequência de virulência foi observada para Volumax, DAS740, SC283, 1G150 e Ponta Negra. Alta frequência de virulência foi observada para e SHS500.

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

ABSTRACT

The objective of this work was to evaluate the reaction of sorghum hybrids to *Colletotrichum sublineolum* populations in different areas in Brazil, with severe epidemics. Five forage and eight grain sorghum hybrids were evaluated in Goiânia - GO, Jardinópolis - SP, Rio Verde - GO e Sete Lagoas – MG in terms of disease severity. In Sete Lagoas, MG, evaluations were performed in the summer cropping season 2008/2009 and winter cropping season, in 2009. The data of disease severity progress were transformed in area under the disease progress curve and statistically analyzed. Isolates of *C. sublineolum* were sampled in Campo Novo do Parecis, MT, Goiânia, GO, Jardinópolis, SP, Patos de Minas, MG, Pelotas, RS e Sete Lagoas, MG. The hybrids Volumax, DAS740, 1G150 and 735005, showed lower disease severities and area under the disease progress curves in all locations and seasons and considered as highly resistant to the pathogen. Hybrids BRS308, 9920045, 9920044 and 1F305 despite their lower AACPD values, enough to be classified as resistant, presented variation in severity disease among location. DKB599 and BR310 were of intermediate resistant, and the hybrid showed the highest susceptibility in all seasons and places, similar to susceptible control BR009. In 2008/2009 higher values of the AACPD was observed in relation to second crop. The lowest frequency of the virulence was observed in Volumax, DAS740, SC283, 1G150 and Ponta Negra, while highest value was presented by BR304 and SHS500.

*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 pela 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.), a principal e mais devastadora doença, que está disseminada por todas as regiões de plantio desta cultura e é favorecida por condições de alta umidade e temperatura. Contudo, regiões com breve período de chuva, seguido por seca prolongada, também estão sujeitas à ocorrência de epidemias severas (Casela & Frederiksen, 1994; Casela & Ferreira, 1998).

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 (Casela & Ferreira, 1998). O seu controle é também essencial como suporte à contínua expansão da área de plantio com a cultura no país. O uso de cultivares resistentes é a melhor forma de controle da doença. Porém, a variabilidade apresentada por *C. sublineolum* é um dos entraves 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 (Casela & Ferreira, 1987; Guimarães et al., 1999).

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, exigindo

mais esforços de melhoristas e fitopatologistas na busca de soluções para o controle desta doença (Silva et al., 2008).

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). Um exemplo mais atual foi a quebra da resistência no híbrido BR304, cultivado por mais de dez anos, e que teve até então resistência durável.

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 (Crute & Pink, 1996; Adugna, 2004). Por esse motivo, a eficiência das estratégias de controle 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). Para que medidas adequadas de manejo da resistência sejam efetivas no controle da doença, é necessário conhecer a reação dos híbridos em diferentes locais, bem como buscar informações a respeito de fatores que podem influenciar a taxa de progresso da doença.

Foi objetivo deste trabalho identificar híbridos de sorgo com alto nível de resistência a populações de *C. sublineolum* de diferentes locais de cultivo no Brasil.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização de ensaios de virulência, um ensaio preliminar, visando à identificação de híbridos contrastantes quanto à reação de resistência à antracnose, foi montado, com vinte híbridos forrageiros, em Goiânia, GO e em Sete Lagoas, MG, na safra de verão 2007/2008 e cinco híbridos graníferos, na safra de inverno 2008, em Sete Lagoas, MG (Tabela 1). Dessa forma, duas etapas constituíram esse capítulo.

O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com três repetições. As sementes utilizadas nos ensaios foram tratadas com Vitavax Thiram (0,9g/300 sementes) e Maxim (0,45g/300 sementes), para controle de míldio e Cruiser 350 ES (1,8g/300 sementes) para o controle de pragas do solo.

Etapa 1: Ensaio preliminar com híbridos forrageiros e graníferos

2.1 Condução dos ensaios

Para a condução do ensaio com híbridos forrageiros foram utilizadas as áreas experimentais da Embrapa, no Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão, localizado em Goiânia, GO e no Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, em Sete Lagoas, MG. Vinte híbridos forrageiros, entre comerciais e experimentais, foram plantados em parcelas constituídas de fileiras duplas de 5 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,70 m e densidade de plantas de 8 plantas/m linear de sulco.

Em frente às parcelas e nas laterais dos blocos, foi plantada uma fileira de 1 m de comprimento com a cultivar suscetível BR009. Para evitar a disseminação lateral da doença, as parcelas foram isoladas entre si por fileiras da cultivar AG405 e os blocos por fileiras de milho. O ensaio em Goiânia foi implantado em 05/12/2007 e avaliado aos 99 dias após o plantio (12/03/2008) e

o ensaio de Sete Lagoas foi implantado em 28/01/2008 e avaliado semanalmente, após os sessenta dias do plantio, totalizando seis avaliações.

Os híbridos graníferos foram avaliados apenas em Sete Lagoas, na safra de inverno 2008, sendo dois híbridos experimentais, três comerciais e BR009 como padrão de suscetibilidade. O ensaio seguiu o mesmo padrão do ensaio com os forrageiros, porém, as parcelas foram isoladas entre si por fileiras de milho.

TABELA 1 Híbridos graníferos e forrageiros de sorgo.

Híbrido	Tipo de híbrido	Empresa
IG220	Granífero	Dow Sciences
9920044	Granífero	Embrapa/CNPMS
9920045	Granífero	Embrapa/CNPMS
144013	Granífero	Embrapa/CNPMS
¹ BR304	Granífero	Embrapa/CNPMS
DKB 599	Granífero	Monsanto
BRS610	Forageiro	Embrapa/CNPMS
Ponta Negra	Forageiro	Embrapa/CNPMS
BR700	Forageiro	Embrapa/CNPMS
BR501	Forageiro	Embrapa/CNPMS
BR506	Forageiro	Embrapa/CNPMS
BR601	Forageiro	Embrapa/CNPMS
736301	Forageiro	Embrapa/CNPMS
736123	Forageiro	Embrapa/CNPMS
736227	Forageiro	Embrapa/CNPMS
735005	Forageiro	Embrapa/CNPMS
735040	Forageiro	Embrapa/CNPMS
735042	Forageiro	Embrapa/CNPMS
735043	Forageiro	Embrapa/CNPMS
735044	Forageiro	Embrapa/CNPMS
735019	Forageiro	Embrapa/CNPMS
736355	Forageiro	Embrapa/CNPMS
735037	Forageiro	Embrapa/CNPMS
1F305	Forageiro	Dow Sciences
Volumax	Forageiro	Monsanto
SHS500	Forageiro	Santa Helena

¹O híbrido BR304 foi avaliado apenas em casa de vegetação.

Além dos ensaios em campo, os híbridos forrageiros e graníferos foram inoculados com cinco isolados de *C. sublineolum*, em casa de vegetação. Neste experimento, o híbrido BR304 também foi avaliado. A produção e o preparo de inóculo seguiram a metodologia desenvolvida por Ferreira & Casela (1986), descrita em 2.7.

2.2 Avaliações

Uma única avaliação da severidade da antracnose foi realizada em Goiânia, considerando-se a porcentagem de doença nas parcelas, de acordo com escala modificada de Sharma (1983), em que as notas: 1 = 0% de doença, 1,5 = 1,25%, 2 = 2,5%, 2,5 = 3,75%, 3 = 5%, 3,5 = 7,5%, 4 = 10%, 4,5 = 15%, 5 = 20%, 5,5 = 27,5%, 6 = 35%, 6,5 = 42,5%, 7 = 50%, 7,5 = 62,5%, 8 = 75% , 8,5 = 87,5% e 9 = 100%.

Em Sete Lagoas, foram realizadas avaliações semanais a partir dos 60 dias após o plantio. Em cada parcela, seis plantas foram selecionadas e marcadas com fita de plástico, ao longo de cada linha de plantio. Todas as folhas das plantas selecionadas foram avaliadas individualmente, em um total de 6 avaliações. Utilizou-se a mesma escala de notas de Sharma (1983), como descrito.

2.3 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), com base na equação:

$$AACPD = \sum [(Y_{i+1} + Y_i)/2] [t_{i+1} - t_i],$$

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 ao teste de médias (Scott-Knott), utilizando-se o programa Sisvar versão 5.0 (build 71) (Ferreira, 2007). Consideraram-se como altamente resistentes híbridos com severidade abaixo de 15%, como moderadamente resistentes aqueles com severidade entre 16% e 30%. Suscetibilidade foi considerada para valores de severidade entre 31% e 49% e alta suscetibilidade acima de 50%.

2.4 Etapa 2: Ensaio de virulência de *C. sublineolum* a treze híbridos e duas linhagens de sorgo

No plantio de verão 2008/2009, foram utilizadas as áreas experimentais da Embrapa, do Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão/CNPAP, Goiânia, GO e do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo/CNPMS, Sete Lagoas, MG. No plantio de inverno 2009, utilizaram-se as áreas experimentais da Dow Agrosiences em Jardinópolis, SP, da Cooperativa Mista de Rio Verde, (COMIGO), Rio Verde, GO e do CNPMS, Sete Lagoas, MG.

Foram plantados treze híbridos de sorgo e as linhagens BR009 (susceptível) e SC283 (resistente), em parcelas constituídas de fileiras duplas de 5 m de comprimento e espaçamento entre linhas de 0,70 m, com densidade de 8 plantas/m linear (Tabela 2). Em frente a cada parcela, foi plantada uma fileira de 1 m de comprimento com a linhagem susceptível BR009 e outra com a linhagem resistente SC283, na extremidade oposta da parcela. Para evitar a disseminação lateral da doença, as parcelas foram isoladas entre si por fileiras da cultivar DAS740 e os blocos por fileiras de milho. Em Sete Lagoas e Jardinópolis, as parcelas foram isoladas entre si por fileiras da cultivar SC283 e os blocos por fileiras de milho.

TABELA 2 Híbridos de sorgo selecionados para avaliação da reação a *C. subineolum*.

Híbridos	Tipo de híbrido	Empresa
DAS740	Granífero	Dow AgroSciences
1G150	Granífero	Dow AgroSciences
1F305	Forrageiro	Dow AgroSciences
BR304	Granífero	Embrapa/CNPMS
BRS308	Granífero	Embrapa/CNPMS
BR310	Granífero	Embrapa/CNPMS
¹ 9920044	Granífero	Embrapa/CNPMS
¹ 9920045	Granífero	Embrapa/CNPMS
Ponta Negra	Forrageiro	Embrapa/CNPMS
¹ 735005	Forrageiro	Embrapa/CNPMS
BR009	Linhagem	Embrapa/CNPMS
SC283	Linhagem	Embrapa/CNPMS
DKB599	Granífero	Monsanto
Volumax	Forrageiro	Monsanto
SHS500	Forrageiro	Santa Helena

2.5 Avaliações

As avaliações seguiram a mesma metodologia descrita anteriormente nos ensaios com híbridos forrageiros e graníferos. Em Sete Lagoas, as avaliações semanais visaram o cálculo de AACPD e a análise do progresso da doença, como também já foi descrito. As datas de implantação, de avaliação e o número de dias após o plantio (DAPs) em que foram realizadas as avaliações, nas duas safras, estão descritas na Tabela 3.

TABELA 3 Data de implantação e avaliação dos ensaios de virulência em duas safras e cinco locais.

Local	Data de	Data de avaliação	¹ DAPs
Goiânia, GO	10/12/2008	17/03/2009	98
Sete Lagoas, MG	04/12/2008	¹ Semanal	¹ 99
Jardinópolis, SP	18/03/2009	29/06/2009	104
Rio Verde, GO	19/01/2009	04/05/2009	106
Sete Lagoas, MG	28/01/2009	Semanal	104

2.6 Reação de treze híbridos de sorgo e duas linhagens a 158 isolados de *C. sublineolum*, em casa de vegetação

Cento e cinquenta e oito isolados, obtidos em Campo Novo do Parecis, MT, Goiânia, GO, Jardinópolis, SP, Mineiros, GO, Patos de Minas, MG, Pelotas, RS, Primavera do Leste, MT, Rio Verde, GO e Sete Lagoas, MG, foram inoculados nos quinze genótipos de sorgo em casa de vegetação.

2.7 Obtenção dos isolados de *Colletotrichum sublineolum*

Fragmentos de folhas apresentando sintomas da doença foram desinfestados superficialmente, por dois minutos, em solução de hipoclorito de sódio a 2% e plaqueadas em meio de farinha de aveia-ágar (FAA). As placas foram, em seguida, incubadas sob luz fluorescente contínua à temperatura de 25o -28oC, 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 10⁻⁴. Em seguida, 1 mL da suspensão obtida foi distribuído em três placas de Petri contendo Agar-água (AA) a 2%, as quais foram incubadas a 25o-28oC, 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 se adicionou óleo mineral para sua conservação, até o momento de uso.

2.8 Produção e preparo de inóculo

Os isolados monospóricos foram transferidos 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 depois, 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.

Os híbridos foram pulverizados 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, à temperatura média de 28°C. Os tratamentos foram delineados em parcelas subdivididas com os isolados nas parcelas e cultivares nas subparcelas, com duas repetições. Um vaso com 4 a 5 plantas caracterizou uma subparcela.

2.9 Avaliação

As plantas foram avaliadas para o tipo de infecção aos 12 dias após a inoculação, utilizando-se uma chave descritiva 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.

2.10 Análise e interpretação dos resultados

Para análise dos dados, calculou-se a frequência de virulência, ou seja, a proporção de isolados, em cada população amostrada com virulência a cada híbrido individualmente (Casela & Ferreira, 1998). O valor máximo de frequência de virulência é igual a 1 (um), o que significa que todos os isolados foram virulentos ao híbrido.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Etapa 1: ensaio preliminar com híbridos forrageiros e graníferos de sorgo

Os genótipos de sorgo apresentaram reações diferentes ao patógeno. Um alto coeficiente de variação ocorreu devido a diferenças de severidade entre parcelas (Anexo 1A). A maior AACPD foi observada para BR009 e os híbridos graníferos 9920044 e DKB599. No entanto, não houve diferença significativa entre estes e IG220, 144013 e 9920045 (Figura 1). O início da doença foi observado aos 82 dias após o plantio (DAP), para 9920045 e DKB599; aos 65 DAP, para 9920044 e aos 87 DAP, para IG220 e 144013, enquanto a testemunha suscetível apresentou aumento progressivo da doença a partir dos 60 DAP (Figura 2).

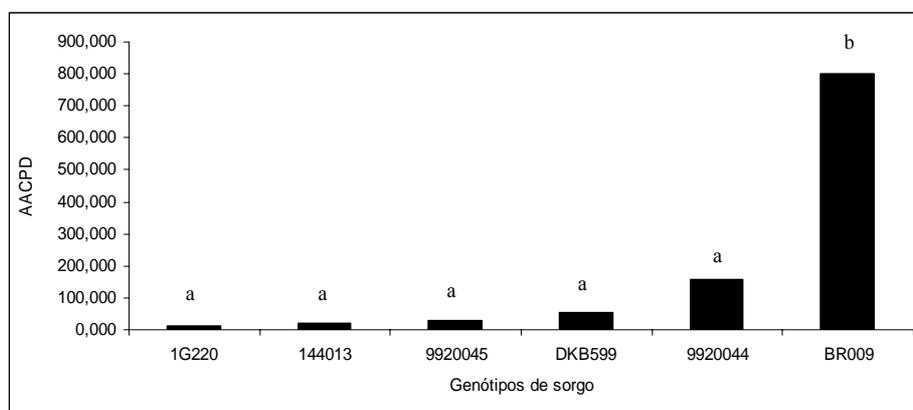


FIGURA 1 Área abaixo da curva de progresso da antracnose dos híbridos graníferos de sorgo no ano de 2008, em Sete Lagoas. Colunas do gráfico seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si, a 0,05% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott.

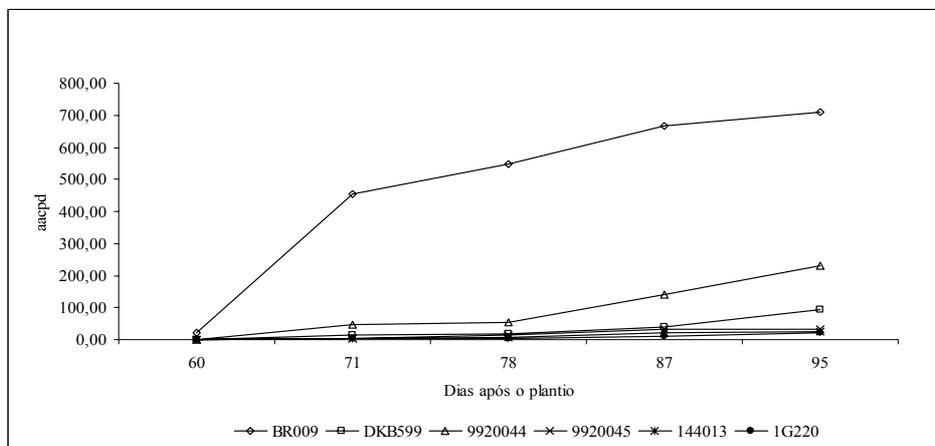


FIGURA 2 Progresso da antracnose em híbridos graníferos de sorgo, na safra 2007/2008, em Sete Lagoas, MG.

Pela análise de virulência, os híbridos graníferos IG220, 9920044 e 144013 foram resistentes aos cinco isolados avaliados, enquanto BR304 apresentou suscetibilidade a todos eles. Os híbridos DKB599 e 9920045 variaram quanto à reação aos isolados. Embora com forte reação de hipersensibilidade, o padrão de suscetibilidade BR009 foi resistente a um isolado (Tabela 4).

De acordo com este resultado, todos os híbridos graníferos avaliados podem ser utilizados em estratégias de manejo da doença, haja vista que apresentaram alta resistência em campo.

Os híbridos forrageiros foram geneticamente heterogêneos quanto à reação ao patógeno. Os híbridos forrageiros comerciais Volumax, 1F305 e BR506 apresentaram os menores níveis de severidade da doença em Goiânia, no entanto, os dois primeiros não diferiram entre si, mas diferiram de BR506. Os híbridos Ponta Negra, BR601, SHS500, BR700 e BR501 apresentaram severidade acima de 50% e não diferiam entre si. Excetuando-se o híbrido 736123, que foi moderadamente resistente, todos os híbridos pré-comerciais

apresentaram severidade da doença abaixo de 10%, sendo, portanto, altamente resistentes à antracnose. Além de 736123, somente os híbridos comerciais BRS610 e BR506 foram moderadamente resistentes (Figura 3). O resumo da análise de variância encontra-se nos Anexos 2A e 3A.

TABELA 4 Reação de híbridos graníferos de sorgo a cinco isolados de *C. sublineolum* em casa de vegetação.

Híbridos graníferos	Isolados/Reação dos híbridos				
	01.08D	02.08D	E32.06	E43.06	E57.06
IG220	R	R	R	R	R
DKB599	S	S	R	R	R
9920044	R	R	R	R	R
9920045	R	S	R	R	R
144013	R	R	R	R	R
BR304	S	S	S	S	S
BR009	R	S	S	S	S

R = resistência e S = suscetibilidade.

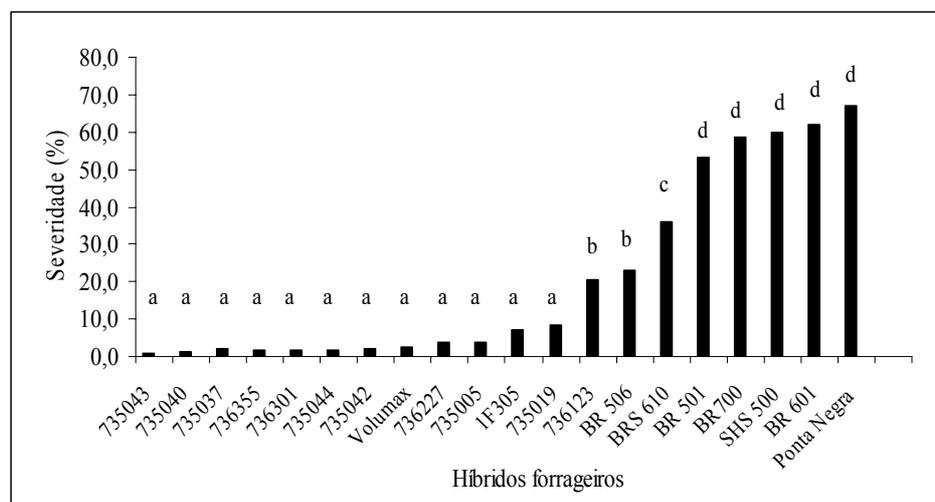


FIGURA 3 Severidade média da antracnose em híbridos forrageiros de sorgo na safra 2007/2008, em Goiânia, GO. Colunas do gráfico seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si, a 0,05% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott.

Em Sete Lagoas, os híbridos com maior AACPD foram SHS500, BR601, Ponta Negra, BR700 e BR501. No entanto, os híbridos BR501 e BR700 diferiram dos demais. Os híbridos 6123 e BR506, que foram moderadamente resistentes em Goiânia, apresentaram alta resistência em Sete Lagoas. Os outros híbridos apresentaram alta resistência à doença, não havendo diferença significativa entre eles neste local (Figura 4). O progresso da doença nos híbridos suscetíveis foi mais rápido, quando comparado aos mais resistentes, tendo iniciado em torno dos 60 DAPs (Figura 5). Estes resultados mostraram que, embora diferenças na severidade tenham ocorrido, os híbridos apresentaram comportamento estável quanto à resistência nos dois locais.

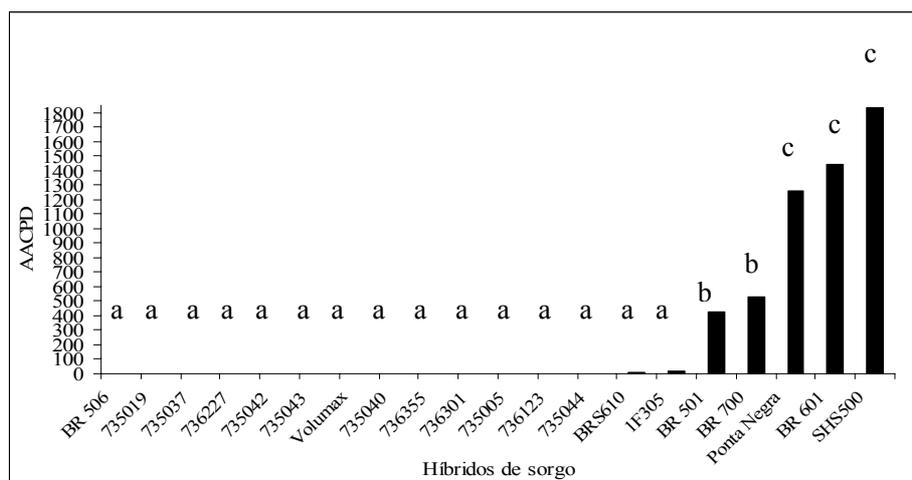


FIGURA 4 Área abaixo da curva de progresso da antracnose em híbridos forrageiros de sorgo em Sete Lagoas, MG. Colunas do gráfico seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si, a 0,05% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott.

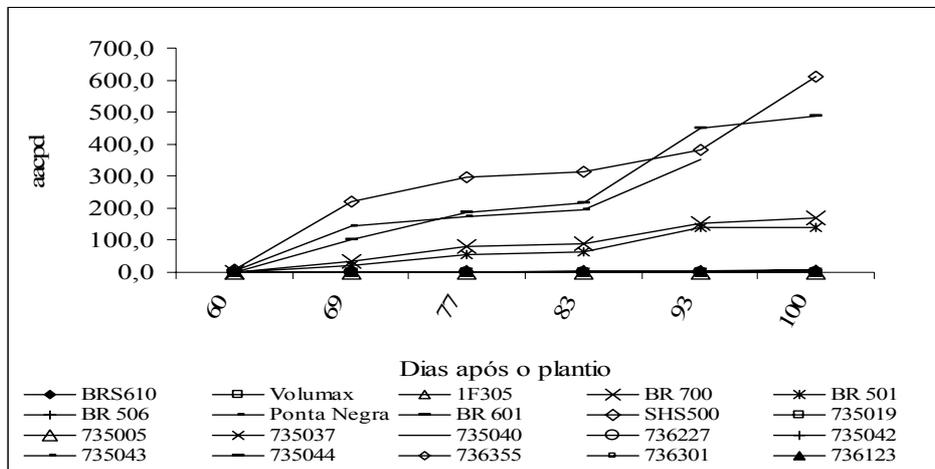


FIGURA 5 Progresso da antracnose em híbridos forrageiros de sorgo, na safra de inverno 2008, em Sete Lagoas, MG.

Os isolados foram geneticamente diferentes quanto à virulência. Os híbridos Volumax, 735005, 735040, 735042 e 735044 apresentaram resistência aos cinco isolados testados (Tabela 5).

Embora os híbridos pré-comerciais tenham apresentado alta resistência em Sete Lagoas e Goiânia, é necessário monitorar a reação de tais genótipos a populações de *C. sublineolum* em diferentes locais, uma vez que virulência foi observada para a maioria deles. O acompanhamento da reação de tais híbridos ao longo do tempo e sob diferentes populações de patógenos pode ser uma ferramenta útil na escolha de estratégias de manejo da doença que favoreçam a durabilidade da resistência. Considerando que, a partir da liberação comercial de um híbrido, os pesquisadores por ele responsáveis não têm mais o total controle sobre seu manejo, ficando o híbrido sujeito ao ciclo *boom and bust*, a melhor opção passa a ser a conscientização dos produtores sobre a importância do manejo cultural e da resistência adequadamente.

TABELA 5 Reação de híbridos forrageiros a cinco isolados de *C. sublineolum* em casa de vegetação.

Híbridos forrageiros	Isolados/ Reação dos híbridos				
	01.08D	02.08D	E32.06	E43.06	E57.06
BRS610	R	S	S	S	R
Volumax	R	R	R	R	R
1F305	R	S	R	R	R
BR700	S	S	S	S	R
BR501	R	R	S	S	R
BR506	R	R	S	R	R
Ponta Negra	S	R	R	S	S
BR601	S	S	S	S	R
SHS500	S	R	S	S	S
735019	R	S	R	R	R
735005	R	R	R	R	R
735037	R	S	R	R	R
735040	R	R	R	R	R
736227	R	S	R	R	R
735042	R	R	R	R	R
735043	R	R	S	R	R
735044	R	R	R	R	R
736355	R	R	R	S	R
736301	R	R	S	R	R
736123	R	S	R	R	R
BR009	R	S	S	S	S

R= resistência e S = suscetibilidade.

Com base nestes resultados e no conhecimento da reação de outros híbridos a *C. sublineolum*, foram selecionados os híbridos forrageiros Volumax, Ponta Negra, 1F305, SHS500 e 735005, os híbridos graníferos comerciais DAS740, 1G150, DKB599, BRS308, BR310, BR304 e os experimentais 9920044 e 9920045 para compor a série diferencial do ensaio de virulência de *C. sublineolum*. Além desses híbridos, a série diferenciadora foi composta pelas linhagens BR009 e SC283, padrões de suscetibilidade e resistência, respectivamente.

3.2 Etapa 2: ensaio de virulência de *C. sublineolum* a treze híbridos de sorgo e duas linhagens

Houve variação na severidade da antracnose entre os híbridos e entre locais nas duas safras. No entanto, a maioria dos híbridos manteve o comportamento quanto ao nível de resistência nas avaliações (Tabelas 6 e 7). O resumo da análise de variância está descrito nos anexos 4A a 10A.

Na safra de verão, em Goiânia e Sete Lagoas, os híbridos forrageiros Volumax, 735005 e os graníferos comerciais BRS308, 1G150, DAS740 e os granífero pré-comercial 9920045, apresentaram alta resistência. Os híbridos com maior severidade foram BR304, Ponta Negra, SHS500, DKB599 e BR310 (Tabela 6).

Em Sete Lagoas, os híbridos DAS740, 735005, 1G150 e Volumax não diferiram entre si e da testemunha resistente SC283 quanto à severidade. Os híbridos 9920045, 9920044, BRS308 e 1F305 também apresentaram alta resistência mas diferiram dos anteriores. O híbrido DKB599 apresentou severidade acima de 16% e foi moderadamente resistente neste local. Entre os híbridos com maior severidade, BS310, SHS500 e Ponta Negra não diferiram entre si, mas diferiram da testemunha suscetível BR009 (Tabela 6).

Nos dois locais avaliados, BR304 apresentou alta suscetibilidade à antracnose, não diferindo de BR009 em Goiânia (Tabela 6). Este híbrido foi lançado na década de 1980 e se manteve resistente até 2004, quando a quebra da resistência determinou severas epidemias em todo o Brasil. O tipo de resistência do híbrido, associada com o cultivo intensivo, sem um manejo adequado da resistência, o levou ao ciclo *boom and bust*. Tal situação ocorreu porque, após um período de intenso cultivo de tal híbrido, a seleção direcional em favor de raças virulentas determinou a quebra da resistência. A popularidade de um genótipo pode ser autodestrutivo quando é dependente da resistência vertical (Vanderplank, 1968, 1982) que, uma vez quebrada e na ausência de manejo adequado da doença, permite o aumento na frequência de raças virulentas.

TABELA 6 Severidade da antracnose do sorgo no plantio 2008/2009, em dois locais no Brasil.

Goiânia, GO		Sete Lagoas, MG	
Tratamentos	Severidade	Tratamentos	Severidade
Volumax	1,33 a ¹	DAS740	1,00 a
DAS740	1,33 a	735005	1,67 a
735005	1,33 a	Volumax	2,67 a
9920045	10,00 b	1G150	3,33 a
1G150	14,67 b	SC283	5,00 a
BRS308	13,33 b	9920045	6,00 b
9920044	16,67 b	BRS308	6,33 b
1F305	26,67 c	9920044	8,00 b
SC283	28,33 c	1F305	8,67 b
DKB599	42,33 d	DKB599	16,67 b
SHS500	56,00 d	BR310	41,67 c
P. Negra	70,00 e	SHS500	51,67 c
BR310	73,00 e	P. Negra	55,00 c
BR304	90,00 f	BR304	88,33 d
BR009	95,00 f	BR009	96,67 e

¹Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente, a 0,05% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott.

Resultados do plantio de inverno foram semelhantes ao plantio de verão quanto aos agrupamentos dos híbridos, embora algumas variações tenham ocorrido. Os híbridos Volumax, 1G150, 735005 e DAS740 foram altamente resistentes nos três locais. Severidade acima de 50%, em pelo menos um dos três locais, foi observada em BR009, SHS500, BR304, Ponta Negra e BR310. Os demais híbridos variaram entre moderadamente resistentes e suscetíveis. Entre os três locais avaliados, menor severidade foi observada em Jardinópolis, onde todos os híbridos foram altamente resistentes, com exceção de BR304 (Tabela 7).

TABELA 7 Severidade da antracnose do sorgo no plantio 2009, em três locais no Brasil.

Jardinópolis, SP		Rio Verde, GO		Sete Lagoas, MG	
Tratamentos	Severidade	Tratamentos	Severidade	Tratamentos	Severidade
9920045	0,00 a ¹	DAS740	1,33 a	1G150	0,00 a
735005	0,00 a	Volumax	1,67 a	DAS740	1,00 a
9920044	0,42 a	735005	10,00 b	Volumax	1,00 a
DAS740	0,42 a	1G150	11,67 b	BRS308	1,67 a
Volumax	0,42 a	9920044	21,67 c	9920044	3,33 b
1G150	0,42 a	BRS308	22,33 c	1F305	3,33 b
DKB599	0,83 a	SC283	23,33 c	9920045	5,67 b
BRS308	1,25 a	1F305	25,00 c	735005	9,33 b
SC283	1,67 a	DKB599	36,67 d	SC283	18,33 c
1F305	2,50 a	9920045	38,33 d	DKB599	23,33 c
BR310	2,92 a	P. Negra	71,67 e	SHS500	28,33 c
SHS5005	7,50 b	BR310	85,00 f	P. Negra	36,67 c
P. Negra	10,00 b	SHS500	90,00 f	BR310	36,67 c
BR009	13,33 b	BR304	96,67 g	BR009	91,67 d
	16,25 b	BR009	100,00 g	BR304	93,35 d

¹Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente, a 0,05% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott.

Em Sete Lagoas, valores mais baixos de AACPD foram observados no plantio de inverno em relação ao plantio de verão, para a maioria dos híbridos (Tabela 8). A maior ocorrência de chuva entre dezembro de 2008 e fevereiro de 2009, associada às temperaturas adequadas, favoreceu a severidade da doença no plantio de verão (Anexo A - Figura 1A). Maior AACPD no plantio de verão determinou a ocorrência de diferenças no agrupamento dos híbridos quando comparado ao primeiro plantio. Os híbridos Volumax, 1G150, DAS740, 9920044, 9920045 e 1F305 mantiveram baixos níveis de AACPD no plantio de inverno e não diferiram entre si. Neste plantio, o híbrido 735005 se diferenciou dos mais resistentes. Apesar disso, a severidade deste híbrido não passou de 10% em nenhuma avaliação sendo, portanto, considerado altamente resistente (Tabela 8).

TABELA 8 Área abaixo da curva de progresso da antracnose, em híbridos de sorgo na safra de verão 2008/2009 e inverno 2009, em Sete Lagoas, MG.

Safra de verão 2008/2009		Safra de inverno 2009	
Tratamento	AACPD	Tratamento	AACPD
Volumax	0,00 a	Volumax	0,00 a
DAS740	0,00 a	1G150	0,00 a
735005	1,67 a	DAS740	0,00 a
BRS308	15,42 b	9920044	2,97 a
1F305	20,42 b	9920045	3,64 a
1G150	22,85 b	1F305	12,03 a
9920045	27,08 b	SC283	18,91 b
9920044	37,50 b	DKB599	21,35 b
SC283	49,58 b	BR310	36,20 b
DKB599	52,92 b	BRS308	40,57 b
BR310	235,83 c	735005	51,31 b
SHS500	263,54 c	Ponta Negra	108,18 c
Ponta Negra	487,92 d	SHS500	289,79 d
BR304	1322,13 e	BR304	715,18 e
BR009	1639,26 f	BR009	1351,15 f

Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente, a 0,05% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott.

Maior severidade foi observada em alguns híbridos na avaliação geral das parcelas e pode ser explicada pela forma como foram feitas as duas avaliações. A avaliação para cálculo de AACPD foi feita marcando-se quatro plantas ao longo de duas linhas de plantio, enquanto na avaliação das parcelas, todas as plantas foram consideradas. Por se tratar de um patógeno capaz de sobreviver em restos de cultura e ser disseminado principalmente por respingos de água (Casela & Ferreira, 1998), uma desigualdade na dispersão pode originar focos, devido a variações na quantidade de inóculo nos restos culturais e transmissão das plantas infectadas para plantas próximas, por meio de respingos.

Na curva de progresso do plantio de verão em Sete Lagoas, observou-se um atraso no início da antracnose nos híbridos em relação à testemunha suscetível BR009. A epidemia teve início aos 61 dias após o plantio (DAP) e

chegou a 96% de severidade. Híbridos mais suscetíveis, como BR304, Ponta Negra e SHS500, tiveram início da epidemia entre quatro e oito dias após BR009. Os híbridos BR310, DKB599, SC283 e 9920044 iniciaram a epidemia aos 88 DAP, enquanto 9920045, 1F305, 1G150 e BRS308, aos 96 DAP (Figura 6).

No plantio de inverno, o início da doença em BR009, BR304 e SHS500 foi observado aos 58 DAPs. No entanto, a doença não progrediu com a mesma intensidade que em BR009, que chegou a 100% de severidade, enquanto em BR304 e SHS500 chegou a 88,333% e 51,661%, de severidade máxima, respectivamente (Figura 6).

Variações, no início da doença, ocorreram entre as duas safras, para a maior parte dos híbridos, mas, semelhantemente ao que ocorreu com Volumax e DAS740 no plantio de verão, nos híbridos 9920044, 9920045, 1G150 e 1F305 no início da doença não foi visível na curva de progresso no plantio de inverno (Figura 6). O progresso da antracnose nos híbridos, em ambos os plantios, foi menor quando comparado ao da testemunha suscetível BR009. Híbridos mais resistentes tiveram o início da doença atrasado em relação aos mais suscetíveis, o que pode ser devido ao efeito de resistência do tipo vertical sobre raças virulentas ou, ainda, à associação de resistência vertical com alta resistência horizontal. A combinação desses dois tipos de resistência, em um mesmo genótipo, confere altos níveis de resistência, sendo, assim, mais desejadas (Vanderplank, 1968).

Resultado semelhante quanto a diferentes níveis de resistência entre híbridos e entre locais, foi observado por Guimarães et al. (1999), em Sete Lagoas, MG e Cravinhos, SP, em que a avaliação de genótipos de sorgo apresentou 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* e 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.

Uma possível associação de resistência vertical e alta resistência horizontal foi observada nos híbridos Volumax, DAS740, 735005 e 1G150, uma vez que foram altamente resistentes em campo e variaram quanto à reação de suscetibilidade/resistência aos isolados. Por exemplo, em Sete Lagoas, Volumax foi suscetível ao isolado 71, que é avirulento a DAS740 e a 1G150. Por outro lado, Volumax foi resistente aos isolados 53 e 69, e virulentos a 1G150 DAS740, respectivamente. O atraso no início da epidemia é uma característica de ambos os tipos de resistência (Vanderplank, 1982) e reforça essa possibilidade.

A expressão de resistência vertical incompleta pode estar ocorrendo nos híbridos BRS308, 9920045, 9920044 e 1F305, que apresentaram resistência em campo, mas variaram quanto à severidade entre os locais. Os valores de AACPD sugerem que a resistência foi incompleta, dado às diferenças nos níveis de antracnose em relação à BR009 (altamente suscetível) e os híbridos mais resistentes, como Volumax. Além disso, houve variação na reação desses híbridos aos diferentes isolados do patógeno. Segundo Vanderplank (1982), essas são características que indicam a presença de resistência vertical incompleta. O plantio de cultivares com resistência parcial pode ser plausível, visto que cultivares com resistência do tipo vertical são mais instáveis sob condições de campo (Resende et al., 2009).

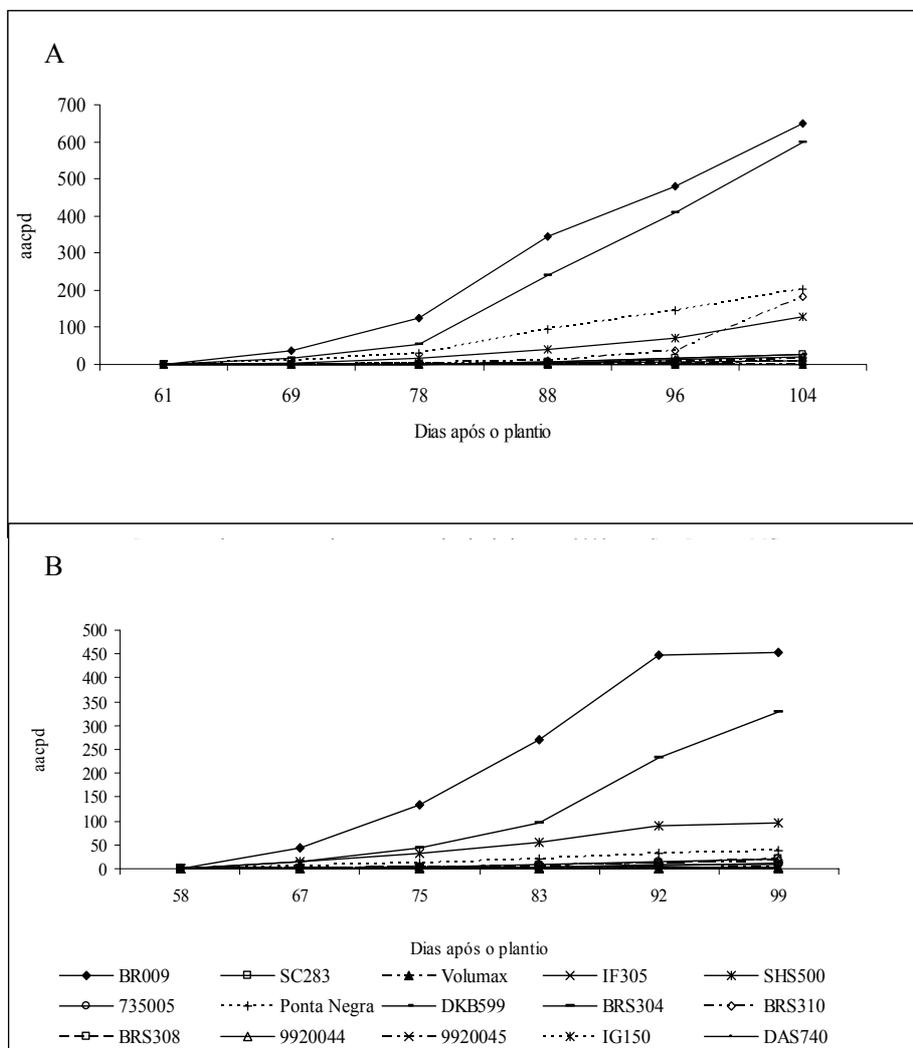


FIGURA 6 Progresso da antracnose em híbridos de sorgo, A) na safra de verão 2008/2009 e B) na safra de inverno 2009, em Sete Lagoas, MG.

Nenhum híbrido foi resistente a todos os isolados avaliados, no entanto, aqueles que apresentaram alta resistência nos ensaios de campo foram resistentes à maior parte dos isolados, como pode ser observado pelos valores de frequência

de virulência (FV). Os híbridos mais suscetíveis em campo apresentaram altos valores de FV, com exceção de Ponta Negra, que foi resistente a 116 dos 158 isolados avaliados. Híbridos que variaram nos níveis de resistência em campo apresentaram níveis intermediários de FV, como BR310, 9920044 e 9920045 (Tabela 9, Anexos 11A a 17A).

O híbrido BR304 foi suscetível a 135 entre os 158 isolados avaliados (Tabela 9). Este resultado explica a alta suscetibilidade de BR304 em campo, já que, independente da raça a que pertencem e da frequência na população do patógeno, muitos isolados são virulentos a tal genótipo. Assim, logo que as condições sejam favoráveis, uma severa epidemia pode ocorrer, como também acontece com o padrão de suscetibilidade BR009.

TABELA 9 Frequência de virulência de 158 isolados de *C. sublineolum* a quinze genótipos de sorgo.

Genótipos	N ° de isolados virulentos	Nº de isolados avirulentos	F.V.
Volumax	3	155	0,019
DAS740	10	148	0,063
SC283	22	136	0,139
Ponta Negra	46	112	0,291
BRS308	51	107	0,323
1G150	53	105	0,335
1F305	54	104	0,342
735005	72	86	0,456
9920045	83	75	0,525
BR310	92	66	0,582
9920044	103	55	0,652
DKB599	122	36	0,772
BR304	126	32	0,797
SHS500	131	27	0,829
BR009	158	0	1,000

¹F.V.= nº isolados virulentos/total de isolados amostrados.

Embora SC283 tenha apresentado resistência à doença, situação semelhante à de BR304 parece acontecer com tal linhagem. Em 1987, SC283 foi resistente contra todas as raças de *C. sublineolum* no Brasil (Casela & Ferreira, 1987). Em 1990 e 1991, foram observadas frequências de virulência de 0,045 e 0,082, respectivamente (Casela & Ferreira, 1995). Neste trabalho, FV de 0,139 e severidade acima de 15% em alguns locais foram observadas. Esses resultados demonstram que raças com virulência a SC283 estão sendo selecionadas. Três linhagens, genitoras de BR310, 9920044 e 9920045, são descendentes de SC283, o que pode resultar em genes em comum para tais híbridos. A ocorrência de genes em comum entre híbridos pode favorecer a quebra de resistência pelo surgimento de novas raças do patógeno, devido ao estreitamento da base genética (Pink, 2002; Adugna, 2004).

As variações na severidade da antracnose e na frequência de virulência observadas podem ser também efeito de adaptação do patógeno ao hospedeiro, devido à seleção direcional que faz com a resistência genética possa funcionar em um local e em outro não (Flor, 1971; Vanderplank, 1984; Cardwell & Werhrly, 1997; Silva et al., 2008). Um exemplo disso é que 12 entre os 22 isolados virulentos a SC283 são de Sete Lagoas, local onde o genótipo é plantado praticamente todo o ano.

Além dos fatores genéticos e da população do patógeno, as condições ambientais em cada local podem interferir em produtos dos genes, como enzimas e proteínas, que podem ser inativadas pelo calor, resultando em suscetibilidade ou, ao contrário, a produção de maior quantidade de cera, que promoverá resistência adicional (Cardwell & Werhrly, 1997). Trabalhos que busquem esse tipo de informação podem ajudar melhoristas e fitopatologistas na obtenção de cultivares mais resistentes e estáveis, sob condições diferentes de clima.

É importante ressaltar que, em alguns experimentos em casa de vegetação, ocorreu infecção por *Peronosclerospora sorghi* (Weston & Uppal) C. G. Shaw, agente etiológico do míldio. Em um mesmo vaso, observou-se que somente plantas infectadas por *P. sorghi* foram suscetíveis à antracnose. A suscetibilidade à antracnose em DAS740 a sete, entre dez isolados virulentos, e em Volumax, a um entre três isolados virulentos, ocorreu sob esta condição. Embora uma baixa FV tenha sido observada para estes genótipos, a ocorrência de míldio foi determinante para o seu aumento. A importância desse fato é que, se esta situação ocorrer com frequência em condições de campo, haverá aumento da severidade da antracnose com consequente perda em produção. É necessária a busca de informações a respeito da interação entre infecção por *P. sorghi* e suscetibilidade a *C. sublineolum*, visto que a ocorrência de míldio pode ter debilitado as plantas infectadas, favorecendo o aumento da antracnose e a ocorrência das duas doenças ao mesmo tempo, podendo acarretar prejuízos maiores que quando separadas.

O comportamento dos híbridos nos diferentes locais foi mantido, embora diferenças nas condições de cada local possam ter levado a uma maior ou menor incidência de doença. Assim, os híbridos Volumax, DAS740, 1G150 e 735005 podem ser considerados portadores de alta resistência a diferentes populações de *C. sublineolum*. Embora algumas variações nos níveis de severidade tenham ocorrido, os híbridos BRS308, 9920045, 9920044 e 1F305 foram resistentes à doença, enquanto DKB599 e BR310 foram moderadamente suscetíveis. Alta suscetibilidade foi apresentada pelos híbridos BR304, SHS500 e Ponta Negra.

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 a resistência incluem-se o sistema de cultivo utilizado, a herança da 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 e a

forma de utilização de genes de resistência (Parlevliet, 1993; Adugna, 2004). Associar a resistência genética com o manejo dos genes por meio de utilização de estratégias, entre as quais a rotação de genótipos, pode contribuir para que a durabilidade seja preservada por mais tempo, especialmente quando não houver associação de virulência a dois ou mais híbridos, como se pode ver com mais detalhes no capítulo que se segue.

4 CONCLUSÕES

Os híbridos Volumax, DAS740, 1G150 e 735005 apresentaram alta resistência em todos os locais e resistência foi apresentada pelos híbridos BRS308, 9920045, 9920044 e SC283. Resistência intermediária foi observada para DKB599 e BR310.

Os híbridos BR304, SHS500 e Ponta Negra apresentaram alta suscetibilidade em todos os locais.

Baixa frequência de virulência dos isolados de *C. sublineolum* foi observada para os híbridos Volumax, DAS740 e SC283.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADUGNA, A. Alternate approaches in deploying for disease resistance in crop plants. **Asian Journal of Plants Sciences**, Pantacheru, v.3, n.5, p.618-623, 2004.
- ANDRIVON, D.; VALLAVIEILLE-POPE, C.R. Race diversity and complexity in selected populations of fungal biotrophic pathogens of cereals. **Phytopathology**, Saint Paul, v.85, n.8, p.897-905, Aug. 1995.
- CARDWELL, K.F.; HEPPELRY, P.R.; FREDERIKISEN, R.A. Pathotypes of *Colletotrichum graminicola* and transmission of sorghum anthracnose. **Plant Disease**, Quebec, v.73, n.3, p.255-257, Mar. 1989.
- CARDWELL, K.F.; WERHRLY, T.E. A rank test for distinguishing environmentally and genetically induced diseases resistance in plant varieties. **Biometrics**, Washington, v.53, n.1, p.195-106, Mar. 1997.
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Proposta de um sistema de classificação de raças de *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo (*Sorghum bicolor*). **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.12, n.4, p.337-344, ago. 1987.
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Associações de virulência em *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.20, n.1, p.33-38, fev. 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. Associação de virulência de *Colletotrichum graminicola* à resistência genética em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.23, n.2, p.143-146, abr. 1998.
- CASELA, C.R.; FREDERIKISEN, R.A. Pathogenic variability in monoconidial isolates of the sorghum anthracnose fungus *Colletotrichum graminicola* from single lesions and from monoconidial cultures. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.19, n.2, p.149-153, abr. 1994.

- CRUTE, I.R.; PINK, D.A. Genetics and utilization of pathogen resistance in plants. **The Plant Cell**, Rockville, v.8, n.10, p.1747-1755, Oct. 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, n.1, p.83-87, mar. 1986.
- FERREIRA, D.F. **SISVAR**. Versão 5.1. Lavras: UFLA, 2007. Software.
- FLOR, H.H. Current status of gene concept. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v.9, p.275-296, Sept. 1971.
- GUIMARÃES, F.B.; CASELA, C.R.; SANTOS, F.G.; PEREIRA, J.C.R.; FERREIRA, A.S. Avaliação da resistência de genótipos de sorgo à antracnose. **Summa Phytopathologica**, Jaguariúna, v.25, n.4, p.308-312, out./dez. 1999.
- MATHUR, K.; THAKUR, R.P.; NEYA, A.; MARLEY, P.S.; CASELA, C.R.; ROSEWICH, L.U. Sorghum anthracnose: problem and management strategies. In: GLOBAL 2000: SORGHUM AND MILLET DISEASES, 3., 2000, Guanajuato. **Proceedings...** Instomil: Sorghum and Millet International Research, 2003. p.1-27.
- PARLEVLIT, J.E. What is durable resistance, a general outline. In: JACOBS, T.H.; PARLEVLIT, J.E. (Ed.). **Durability of disease resistance**. Netherlands: Academic, 1993. p.23-39.
- PINK, D.A.C. Strategies using genes for non-durable disease resistance. **Euphytica**, Netherlands, v.124, n.2, p.227-236, Mar. 2002.
- RESENDE, R.S.; RODRIGUES, F.Á.; SOARES, M.J.; CASELA, C.R. Influences of silicon on some components of resistance to anthracnose in susceptible and resistant sorghum lines. **European Journal of Plant Pathology**, Cambridge, v.124, n.3, p.533-541, July 2009.
- SHANER, G.; FINNEY, R.E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in knox wheat. **Phytopathology**, Saint Paul, v.67, n.8, p.1051-1056, Aug. 1977.
- SHARMA, H.L. A technique for identifying and rating resistance to foliar diseases of sorghum under field conditions. **Proceeding Indian Academy Science**, New Delhi, v.42, p.278-283, 1983.

SILVA, D.D.; CASELA, C.R.; CASTRO, H.A.; SANTOS, F.G.; FERREIRA, A.S. Diversidade populacional de *Colletotrichum sublineolum*, em seis localidades no Brasil. **Summa Phytopathologica**, Jaguariúna, v.34, n.2, p.149-155, out./dez. 2008.

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

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 3: ESTRUTURA POPULACIONAL E ASSOCIAÇÃO DE
VIRULÊNCIA DE *Colletotrichum sublineolum* A HÍBRIDOS DE SORGO
EM DIFERENTES LOCAIS DO BRASIL**

RESUMO

Este trabalho foi realizado com o objetivo de caracterizar a estrutura populacional de *Colletotrichum sublineolum* Henn. por meio da avaliação da virulência em híbridos de sorgo e identificar combinações de híbridos para as quais não exista virulência associada, em diferentes localidades de cultivo. As plantas foram inoculadas com 158 isolados monospóricos obtidos de Campo Novo do Parecis, MT, Goiânia, GO, Jardinópolis, SP, Patos de Minas, MG, Pelotas, RS, Primavera do Leste, MT, Rio Verde, GO e Sete Lagoas, MG. Cento e vinte e uma 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 à sua distribuição nas localidades. A associação de virulência foi caracterizada por análise de coeficiente de associação de patogenicidade (CAP) e coeficiente de virulência (CAV) e analisados estatisticamente por meio do teste qui-quadrado. A raça mais complexa, 247.127, virulenta a quatorze dos quinze genótipos de sorgo avaliados, foi detectada somente em Patos de Minas e em baixa frequência. O padrão mais frequente foi encontrado em Pelotas e Sete Lagoas e representou 3,80% do total de isolados amostrados. Prevaleceram raças com virulência a sete genótipos de sorgo na população do fungo. Os maiores índices de diversidade fenotípica e de complexidade ocorreram em Sete Lagoas. Os híbridos com maior número de combinações com ausência de associação de virulência foram Volumax, DAS740 e SC283, de acordo com CAP e CAV.

*Comitê orientador: Hilário Antônio de Castro – UFLA (orientador), Carlos Roberto Casela – Embrapa/ Milho e Sorgo (coorientador).

ABSTRACT

The objective of this work was to characterize the *Colletotrichum sublineolum* Henn population through virulence evaluation in sorghum hybrids and identification of hybrids combinations that does not have virulence association, in different locations. Plants were inoculated with 158 monosporic isolates from Campo Novo do Parecis, MT, Goiânia, GO, Jardinópolis, SP, Patos de Minas, MG, Pelotas, RS, Primavera do Leste, MT, Rio Verde, GO, a Sete Lagoas, MG. One hundred twenty one races of the fungus were designated through binary system. The population was characterized as phenotypic diversity through Shannon, Simpson and Gleason index, and one complexity index, and their distribution in the locations. The virulence association was characterized for pathogenicity (PAC) and virulence (VAC) coefficients and analyzed statistically through χ^2 test. The more complex race 247.127, virulent to fourteen sorghum genotypes, was detected only in Patos de Minas in a lower frequency. The more frequent race was found in Pelotas and Sete Lagoas and represented 3.80% of the total sampled isolates. Races prevailed with virulence to seven sorghum genotypes in the fungal population. Higher diversity and complexity index occurred in Sete Lagoas. The hybrids with greatest number of combinations without virulence association were Volumax, DAS740 and SC283, according to CAP and CAV.

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

1 INTRODUÇÃO

A antracnose é a principal e mais devastadora doença que ameaça a produção da cultura do sorgo no Brasil. A doença 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 antracnose tem como agente etiológico *Colletotrichum sublineolum* Henn. 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 (Pande et al., 1994; Casela et al., 1998, 2004; Mathur et al., 2003).

Variabilidade em *C. sublineolum* foi inicialmente demonstrada por Harris & Johnson (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 ocorrência de raças fisiológicas de *C. sublineolum* foi demonstrada pela primeira vez por Nakamura (1982), 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). Mais recentemente, Casela et al. (2004) e Silva et al. (2008) observaram grande número de raças do patógeno no Brasil e, muitas das quais, apresentando alta complexidade e ocorrendo com frequência relativamente alta em populações do patógeno. A alta frequência de raças complexas pode implicar na ocorrência de associações de virulência a híbridos comerciais e determinar o aumento na severidade da doença. Segundo Casela et al. (1998), essa 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 controle do patógeno.

Apesar de existirem várias estratégias que 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, informações a esse respeito ainda são escassas para o sorgo no Brasil. Bom exemplo disso foi a recente quebra da resistência à antracnose, verificada no híbrido granífero BR304, associada, provavelmente, à expansão da área de plantio com a cultura e ao grande número de anos de permanência deste material no mercado. Provavelmente, isso não teria ocorrido se estratégias de manejo fossem implementadas, como, por exemplo, um sistema de rotação entre esse e outros híbridos. Conhecendo-se a estrutura de populações de *C. sublineolum* quanto à virulência, é possível estabelecer estratégias que limitem a capacidade adaptativa do patógeno e, com isso, diminuir as perdas causadas pela doença. Diante desses fatos, avaliar a reação de híbridos comerciais e pré-comerciais e caracterizar a estrutura de diferentes populações do patógeno constituem uma etapa imprescindível não só para os trabalhos de melhoramento mas também para o estabelecimento de estratégias de manejo que permitam diminuir a severidade da doença e preservar genes de resistência nos híbridos.

Este trabalho foi realizado com os objetivos de caracterizar populações de *Colletotrichum sublineolum* por meio da avaliação da estrutura de virulência e identificar combinações de híbridos para os quais a virulência encontra-se dissociada nessas populações e que possam ser utilizados na validação de estratégias de manejo da resistência.

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 janeiro de 2008 a agosto de 2009. Utilizaram-se a infraestrutura do Laboratório de Resistência de Plantas a Doenças e casas de vegetação.

Para a caracterização da diversidade populacional de *C. sublineolum*, foram utilizados os quinze híbridos de sorgo dos ensaios de campo do capítulo anterior. Foram testados 158 isolados monospóricos do patógeno obtidos em Campo Novo do Parecis, MT, Goiânia, GO, Jardinópolis, SP, Mineiros, GO, Patos de Minas, MG, Pelotas, RS, Primavera do Leste, MT, Rio Verde, GO e Sete Lagoas, MG. A produção e o preparo de inóculo seguiram a metodologia desenvolvida por Ferreira & Casela (1986), como descrito no capítulo 1, página 36.

2.1 Avaliação

As plantas foram avaliadas para o tipo de infecção aos 12 dias após a inoculação, utilizando-se uma chave descritiva 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 (suscetível ou resistente) designaram raças do fungo por modificação do sistema binário de Habgood (1970). Cada híbrido componente da série diferencial recebeu um número binomial, iniciado por 1. Os oito primeiros híbridos, incluindo o padrão de suscetibilidade BR009 e o de resistência, SC283, receberam números que variaram de 1 a 128. Os outros sete híbridos receberam, da mesma forma, um número binomial, que variou de 1 a 64. Reações de suscetibilidade dos híbridos para um mesmo isolado foram então somadas, identificando-se, assim, o padrão de virulência de cada isolado (Tabela 1). Neste trabalho, os padrões de virulência foram chamados de raças, embora a série diferencial usada tenha sido os genótipos de sorgo citados acima e não uma série diferencial padrão, em que os genes de resistência de cada genótipo é conhecido.

TABELA 1 Sistema de designação de raças de *C. sublineolum*.

Série diferencial	Valor binário	Valor decanário	¹ Reação
BR009	2 ⁰	1	S
SC283	2 ¹	2	R
Volumax	2 ²	4	S
1F305	2 ³	8	R
SHS500	2 ⁴	16	R
735005	2 ⁵	32	R
Ponta Negra	2 ⁶	64	R
DKB599	2 ⁷	128	R
BR304	2 ⁰	1	S
BR310	2 ¹	2	R
BRS308	2 ²	4	R
9920044	2 ³	8	R
9920045	2 ⁴	16	R
1G150	2 ⁵	32	R
DAS740	2 ⁶	64	R

¹A reação dos genótipos nesta tabela é ilustrativa. O nome da raça, nesse caso, seria 05.01.

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 & Eversmeyer, 1977; Lebeda, 1981).

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:

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

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

$$\text{Simpson: } S_i = \sum [n_i (n_i - 1) / N (N - 1)]$$

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

N é o tamanho da amostra e

$$\text{Gleason: } G_i = (r - 1) / \ln (N)$$

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 utilizados para descrever a diversidade intraespecífica 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 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 (Groth & Roelfs, 1987; Kolmer, 1991a).

O índice de complexidade, que se baseia na frequência relativa e no número de virulência de determinada amostra, possibilita analisar a população quanto à adaptação aos genótipos da cultura em diferentes regiões de plantio.

As raças foram analisadas também quanto à sua virulência e distribuição em cada local amostrado. A frequência de virulência a cada genótipo foi calculada dividindo-se o número de isolados virulentos pelo total de isolados amostrados em cada local.

Para detectar a ocorrência de virulência associada ou dissociada a dois híbridos 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 ao híbrido a e b; VaAb, isolado virulento ao híbrido a e avirulento ao híbrido b; AaAb, isolado avirulento a ambos os híbridos e AaVb, isolado avirulento ao híbrido a e virulento ao híbrido 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 χ^2 (Lebeda, 1981). 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 (Alexander et al., 1984; Casela et al., 1998).

As associações de patogenicidade e de virulência foram calculadas para cada combinação de híbridos 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):

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

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

Valores de CAP e CAV muito próximos entre si indicam alta proporção de isolados com virulência associada aos híbridos, enquanto altos valores de CAP e baixos valores de CAV indicam que a maioria dos isolados na população não possui virulência associada aos dois híbridos 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 genótipos 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 um dos dois híbridos.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Estrutura populacional de *C. sublineolum* em diferentes locais no Brasil

Foram detectadas 121 raças de *C. sublineolum*, entre 158 isolados monospóricos testados nos 15 genótipos de sorgo, em casa de vegetação, tendo sido identificadas 18 em Campo Novo do Parecis, 21 em Goiânia, 33 em Jardinópolis, 7 em Patos de Minas, 16 em Pelotas e 39 em Sete Lagoas. Entre os 158 isolados, 2 de Mineiros, 1 de Primavera do Leste e 2 obtidos de SC283, em 2009 (um em Rio Verde e outro em Sete Lagoas), constituíram 3 raças. Os isolados obtidos de SC283 foram identificados como uma única raça (Tabela 2). As reações dos genótipos de sorgo avaliados estão descritas nas Tabelas 12A a 17A (Anexo A).

Do total de 121 raças, 107 foram encontradas somente em uma localidade, 10 em duas localidades, 4 em três localidades e nenhuma esteve presente em todas as localidades (Tabela 2). O grande número de raças identificadas neste trabalho reforça relatos anteriores de alta variabilidade em *C. sublineolum* (Harris & Sowel, 1970; Frederiksen & Rosenow, 1971; Pastor-Corrales & Frederiksen, 1978; Rosewich et al., 1998; Casela et al., 2004; Silva et al., 2008).

Baixa frequência das raças foi observada em todos os locais, tendo a raça 177.27, que correspondeu a 3,80% do total de isolados testados, sido a mais frequente. Esta raça foi observada em Pelotas, onde representou 21,7% dos isolados e em Sete Lagoas, onde foi identificada apenas uma vez. A segunda raça com maior frequência, 145.11, foi observada em Campo Novo do Parecis, Pelotas e Sete Lagoas e representou 2,53% do total de isolados amostrados (Tabela 2). A baixa frequência das raças pode ser reflexo do número de isolados amostrados em cada local, visto que maior amostragem possibilitaria uma

identificação mais adequada. Maior número de isolados avaliados possibilitou a identificação de 75 raças, entre 314 isolados amostrados por Casela et al. (2004) e 70 raças, entre 289 isolados amostrados por Silva et al. (2008). Em ambos os trabalhos, algumas raças prevaleceram sobre outras, nas populações avaliadas. No primeiro caso, seis raças corresponderam a 68% do total de isolados e, no segundo caso, seis raças corresponderam a 46,71% dos isolados. Outro fator que pode ter influenciado o resultado do presente trabalho é a série diferencial composta por híbridos de várias empresas e, portanto, com base genética diversificada e que pode ter determinado, por consequência, o grande número de raças observadas.

Pela distribuição e virulência das raças observa-se que aquelas com virulência intermediária prevaleceram em relação às de menor e de maior virulência, em todos os locais, com exceção de Sete Lagoas. Entre as raças identificadas, foi observada maior porcentagem daquelas com número de virulência igual a 6, 7 e 8, com valores de 27,85% e 12,66%, e 10% e 76%, respectivamente (Tabela 2, Figura 1). Embora tenha usado linhagens restauradoras e macho-estéreis de sorgo como diferenciadoras de virulência, este resultado está de acordo com o obtido por Silva et al. (2008) quanto à predominância de raças com número intermediário de virulência. Muitos genótipos avaliados pertencem ao programa de melhoramento da Embrapa-CNPMS, entre eles os híbridos 9920044 e 9920045, descendentes de um mesmo par de linhagens avaliadas no trabalho acima citado. Estes dois híbridos, provavelmente, possuem genes em comum, o que pode explicar, em parte, tais resultados.

Nenhum isolado foi virulento a todos os genótipos de sorgo avaliados. O número máximo de virulências foi observado na raça 247.127, virulenta a quatorze genótipos e presente apenas em Patos de Minas. Embora apenas sete isolados tenham sido testados em Patos de Minas, a presença de um isolado com

virulência a quatorze genótipos (somente 1F305 foi resistente) indica que pelo menos uma raça de ampla virulência ocorre neste local. Este isolado foi amostrado no híbrido BR310 que, dessa forma, constitui fonte de inóculo e pode favorecer o aumento de sua frequência, se cultivado sucessivamente, com consequente aumento na severidade da doença em híbridos suscetíveis (Tabela 2).

TABELA 2 Distribuição e frequência de 121 raças de *C. sublineolum* em seis locais no Brasil.

Raças	C. N. do Parecis	Goiânia	Jardinópolis	Patos de Minas	Pelotas	Sete Lagoas	Nº de isolados	Frequência %	Nº de virulências
01.00		1	1		1		3	1.899	1
01.24			1				1	0.633	3
01.35			1				1	0.633	3
03.00			1				1	0.633	2
09.40			1				1	0.633	3
09.76			1				1	0.633	4
17.00			1				1	0.633	2
17.01		1					1	0.633	3
17.08		1					1	0.633	3
17.09						1	1	0.633	4
17.11	1						1	0.633	5
17.27						1	1	0.633	6
17.40			1				1	0.633	4
17.59						1	1	0.633	7
17.97						1	1	0.633	4
19.01	1						1	0.633	4
19.27						1	1	0.633	7
25.04	1						1	0.633	4
49.11						1	1	0.633	6
49.27						1	1	0.633	7
57.21						1	1	0.633	8
57.63						1	1	0.633	10
65.00		2					2	1.266	2
81.00			1				1	0.633	3
81.01		1					1	0.633	4
81.25		1					1	0.633	6
81.27						1	1	0.633	7
89.24			1				1	0.633	6
89.63			1				1	0.633	10
113.09						1	1	0.633	6
113.19		1					1	0.633	7
121.25		1					1	0.633	8
121.43						1	1	0.633	9
129.00			1				1	0.633	2

“...continua...”

“TABELA 2, Cont.”

Raças	C. N. do Parecis	Goiânia	Jardinópolis	Patos de Minas	Pelotas	Sete Lagoas	Nº de isolados	Frequência %.	Nº de virulências
129.01					1		1	0.633	3
129.03				1	1		2	1.266	4
129.17			1				1	0.633	5
129.40			1				1	0.633	4
131.27					1		1	0.633	7
137.03			1				1	0.633	5
137.04			1				1	0.633	4
137.37			1				1	0.633	5
137.43	1						1	0.633	7
137.60						1	1	0.633	7
145.01		1			1		2	1.266	4
145.03					1		1	0.633	5
145.09						1	1	0.633	5
145.11	1				2	1	4	2.532	6
145.27				1	1	1	3	1.899	7
145.31					1		1	0.633	8
145.43				1	1		2	1.266	7
145.49	1						1	0.633	7
145.51						1	1	0.633	7
145.59	1	1			1		3	1.899	7
147.25	1						1	0.633	7
153.04	1						1	0.633	5
153.07	2	1					3	1.899	7
153.24	1						1	0.633	8
153.29	1						1	0.633	8
153.31 ¹							1	0.633	4
153.63			3				3	1.899	10
155.05 ¹							1	0.633	7
161.00			1				1	0.633	3
161.09					1		1	0.633	5
161.19						1	1	0.633	6
161.34					1		1	0.633	5
169.05			1				1	0.633	6
169.06			1				1	0.633	6
177.05			1				1	0.633	6
177.11	1				2		3	1.899	7
177.19					1	1	2	1.266	7
177.24 ²			2				3	1.899	7
177.27					5	1	6	3.797	8
177.56			1				1	0.633	7
177.59	1				1		2	1.266	9
177.63						2	2	1.266	10
177.105	1						1	0.633	7
179.11	1						1	0.633	8
179.27						2	2	1.266	9
185.15				1			1	0.633	9
185.37			1				1	0.633	8
185.41						1	1	0.633	8
185.59						1	1	0.633	10

¹ Isolados amostrados em Mineiros, GO.

“...continua...”

“TABELA 2, Cont.”

Raças	C. N. do Parecis	Goiânia	Jardinópolis	Patos de Minas	Pelotas	Sete Lagoas	Nº de isolados	Frequência %	Nº de virulências
185.61			2				2	1.266	10
185.63			3				3	1.899	11
185.79	2						2	1.266	10
187.63						1	1	0.633	12
187.127						1	1	0.633	13
195.00 ³							2	1.266	4
195.01		1					1	0.633	5
209.01	1							0.63	5
209.03				1			1	0.633	6
209.11						1	1	0.633	7
209.25						1	1	0.633	7
209.33		1					1	0.633	6
209.48			1				1	0.633	6
209.56		1					1	0.633	7
209.59		1					1	0.633	9
209.91						1	1	0.633	9
211.49		1					1	0.633	7
217.04			1				1	0.633	6
219.63						2	2	1.266	13
241.19						1	1	0.633	8
241.41		1					1	0.633	8
241.51		1					1	0.633	9
241.56			1				1	0.633	8
241.57		1					1	0.633	9
241.63						1	1	0.633	11
243.127						1	1	0.633	13
247.127				1			1	0.633	14
249.07		1					1	0.633	9
249.12			1				1	0.633	9
249.27				1			1	0.633	10
249.31		1					1	0.633	10
249.45			1				1	0.633	10
249.46			1				1	0.633	10
249.59						1	1	0.633	11
249.127						1	1	0.633	13
251.63						1	1	0.633	13
251.123						1	1	0.633	13
251.127						1	1	0.633	13
255.31						1	1	0.633	13
Total amostrado	20	22	39	7	23	42	158	100	

²Um isolado foi amostrado em Primavera do Leste, GO. ³Isolados amostrados na linhagem SC283, em 2009, em Sete Lagoas e Rio Verde.

Somente em Sete Lagoas, raças com 12 e 13 virulências foram observadas e, entre 42 isolados amostrados, 34 tiveram número de virulência acima de sete, o que explica o maior índice de complexidade em comparação aos demais locais (Tabelas 2 e 3, Figura 1). Maior complexidade neste local foi também observada quando linhagens restauradoras e macho-estéreis foram utilizadas como diferenciadoras de virulência (Silva et al., 2008). Segundo os autores, isso pode ser consequência de uma 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, onde ambos os ensaios foram realizados. Provavelmente, essa alta diversidade genética no hospedeiro fez com que esses genes para avirulência se tornassem necessários na população do patógeno e a seleção direcional estaria atuando de maneira a mantê-los.

Apesar de raças de maior complexidade terem prevalecido em Sete Lagoas, raças de baixa complexidade também foram observadas. Tal fato sugere que a seleção estabilizadora esteja atuando, embora em menor intensidade que a seleção direcional, contribuindo para a manutenção de um equilíbrio na população do patógeno, contra uma possível extinção dos fenótipo menos virulentos (Kolmer, 1991b). Maior predominância de raças mais simples em relação às mais complexas foi verificada por Casela et al. (2001), em estudo sobre a capacidade competitiva entre raças deste patógeno, indicando a possibilidade de influência da virulência na habilidade adaptativa de *C. sublineolum*. Considerando-se que o acúmulo de virulência desnecessária resulta em custo adaptativo para o patógeno, indivíduos com menor número de genes de virulência, equivalentes aos genes de resistência do hospedeiro, estariam mais aptos a predominar na população do patógeno (Vanderplank, 1984). De acordo com Costa et al. (2003), em misturas de genótipos de sorgo, também se observa a predominância de raças com grau intermediário de complexidade, enquanto,

em populações hospedeiras uniformes e suscetíveis, raças mais simples tendem a predominar.

TABELA 3 Índices de diversidade fenotípica e complexidade de 121 raças de *C. sublineolum*, obtidas em cinco localidades no Brasil.

Localidade	Tipo de índice				Raças
	Índice de diversidade de Gleason	Índice de diversidade de Shannon	Índice de diversidade de Simpson	Índice de complexidade	
C. N. do Parecis	5,675	3,007	1,900	7,100	18
Goiânia	6,470	3,028	0,955	6,091	21
Jardinópolis	8,735	3,423	5,846	6,359	33
Pelotas	4,784	2,529	5,739	6,217	16
Sete Lagoas	10,167	3,550	2,929	8,690	39

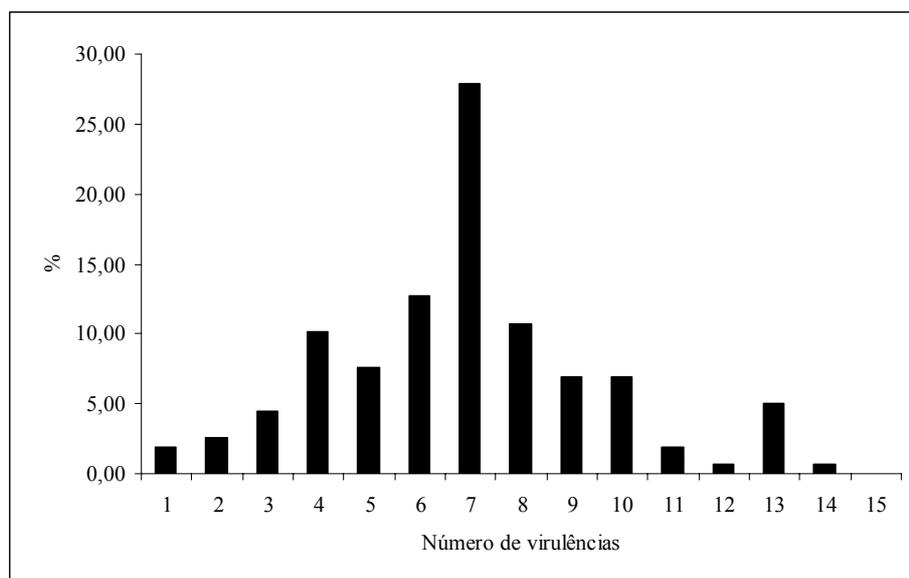


FIGURA 1 Número de virulências de 158 isolados de *C. sublineolum* a quinze genótipos de sorgo.

Campo Novo do Parecis foi o segundo local com predominância de raças mais complexas, conforme expresso pelo índice de complexidade, seguido por Jardinópolis, Pelotas e Goiânia (Tabela 3). Esses resultados diferem daqueles observados anteriormente por Silva et al. (2008), em que o índice de complexidade em Goiânia foi igual ao de Sete Lagoas e, em Jardinópolis, foi o menor entre esses três locais. Porém, as metodologias usadas foram diferentes.

A maior diversidade, de acordo com os índices de Gleason e Shannon, foi encontrada em Sete Lagoas, seguida por Jardinópolis, Goiânia, Campo Novo do Parecis e Pelotas, respectivamente. Houve variação na diversidade medida pelo índice de Simpson, para o qual o maior valor foi apresentado em Jardinópolis, seguido por Pelotas, Sete Lagoas, Campo Novo do Parecis e Goiânia, respectivamente (Tabela 3). Alta diversidade em Sete Lagoas já havia sido observada quando a população do patógeno foi avaliada pelo índice de Shannon (Casela et al., 1998, 2000b, 2001; Silva et al., 2008).

Pelotas possui um menor número de fenótipos distintos e algumas raças dominantes na população em relação às outras, como foi observado pela frequência de 177.27, que predominou sobre as outras raças. A população de Jardinópolis possui maior número de fenótipos distintos, mas com maior dominância de algumas raças sobre as outras. Resultados anteriores mostram o observado em Jardinópolis quanto à diversidade e à ocorrência de fenótipos distintos com prevalescência de alguns sobre os outros (Silva et al., 2008). Nos outros locais, há maior número de fenótipos distintos na amostra e que estão mais uniformes quanto à frequência na população (Tabela 3).

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 de o 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.

3.2 Associação de virulência em *C. sublineolum* a quinze genótipos de sorgo

Baixa frequência de virulência (FV) foi observada para os híbridos Volumax e DAS740 e para a linhagem SC283, em todos os locais avaliados. Alta FV foi observada para os híbridos SHS500, DKB599 e BR304, em todos os locais avaliados. Apenas BR009 foi suscetível a todos os isolados em todos os locais, o que determinou $FV = 1$. A frequência de virulência para os outros híbridos variou entre locais (Tabela 4). As maiores FVs em relação aos híbridos 1F305, 735005, 9920044 e 9920045 e à linhagem SC283 foram observadas nos locais de origem, ou seja, Jardinópolis (1F305) e Sete Lagoas. Tal fato pode indicar que adaptação de *C. sublineolum* está sendo favorecida nos locais de origem dos híbridos, provavelmente devido a cultivos subsequentes desses materiais, levando à seleção direcional para o aumento de raças com virulência a tais genótipos.

TABELA 4 Frequência de virulência de *C. sublineolum* de seis populações no Brasil, a quinze genótipos de sorgo.

Genótipos de sorgo	C. N. do	Goiânia	Jardinópolis	Patos de Minas	Pelotas	Sete Lagoas
	Parecis	N=22	N=39	N=7	N=23	N=42
	¹ N=20	FV	FV	FV	FV	FV
BR009	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
SC283	0.150	0.091	0.051	0.143	0.043	0.262
Volumax	0.000	0.000	0.000	0.143	0.000	0.048
1F305	0.000	0.182	0.564	0.286	0.000	0.381
SHS500	1.000	0.818	0.641	0.857	0.739	0.952
735005	0.400	0.318	0.436	1.000	0.478	0.619
P. Negra	0.150	0.682	0.231	0.429	0.000	0.405
DKB599	0.900	0.591	0.718	1.000	0.957	0.714
BR304	0.900	0.773	0.462	1.000	0.913	0.976
BR310	0.650	0.318	0.282	1.000	0.826	0.810
BRS308	0.400	0.136	0.513	0.286	0.043	0.357
9920044	0.700	0.409	0.564	0.714	0.696	0.881
9920045	0.350	0.455	0.462	0.429	0.478	0.786
1G150	0.150	0.318	0.436	0.286	0.174	0.476
DAS740	0.100	0.000	0.000	0.143	0.000	0.167

¹N= Número de isolados avaliados, ²FV= frequência de virulência ao híbrido.

A avaliação dos valores dos coeficientes de associação de patogenicidade (CAP) e de virulência (CAV) permitiu identificar um total de 253 combinações entre genótipos de sorgo que podem ser viáveis, quando usadas para o manejo da resistência à antracnose. Entre elas, 48 em Campo Novo do Parecis e Jardinópolis, 58 em Goiânia, 36 em Patos de Minas e Pelotas e 27 em Sete Lagoas (Tabela 5). No entanto, muitas combinações não puderam ser analisadas pelo teste χ^2 , devido à ocorrência de frequência esperada (FE) abaixo de cinco (Ott, 1988). De um total de 108 combinações que apresentaram altos valores de CAP e de CAV, pelo menos 68 foram significativamente positivas para virulência, ou seja, ocorrem raças com virulência associada aos dois híbridos simultaneamente. O plantio consecutivo dos híbridos com virulência associada pode favorecer o aumento da severidade da doença para ambos os híbridos, visto que o inóculo inicial será mantido nos restos culturais e

a frequência de raças virulentas poderá ser aumentada a cada plantio. Entre os locais avaliados, apenas em Patos de Minas nenhuma associação positiva de virulência foi observada, enquanto 5 foram verificadas em Campo Novo do Parecis, 12 em Goiânia, 24 em Jardinópolis, 7 em Pelotas e 20 em Sete Lagoas (Anexos 1B a 6B). As combinações entre os híbridos forrageiros SHS500 x Ponta Negra, em Campo Novo do Parecis, Goiânia e Patos de Minas, e entre os híbridos graníferos BR304 x 9920044, em todos os locais, são exemplos de combinações inviáveis para o manejo da resistência.

O coeficiente de associação de virulência (CAV) igual a zero, independente dos valores do coeficiente de patogenicidade (CAP), ocorreu nas combinações com o híbrido Volumax, em Campo Novo do Parecis, Jardinópolis, Goiânia e Pelotas. Em Patos de Minas e Sete Lagoas, baixo valor de ambos os coeficientes foi observado nas combinações com este híbrido. No entanto, dissociação de virulência foi identificada em Patos de Minas, entre Volumax e 1F305, e Volumax x BRS308 (Tabela 5, Anexos 1B a 6B).

Da mesma forma, combinações com DAS740 apresentaram CAV igual a zero, em Goiânia, Jardinópolis, Pelotas e algumas combinações em Campo Novo do Parecis e, nas combinações com 1F305 e BRS308, em Patos de Minas. Em Campo Novo do Parecis, altos valores de CAP e baixos valores de CAV ocorreram nas combinações de DAS740 com 1F305, 735003 e BRS308 e valores baixos de CAP e CAV, nas combinações com SHS500, DKB599, BR304, BR310 e 9920044. Em Patos de Minas, altos valores de CAP e baixos valores de CAV foram observados nas combinações de DAS740 com SC283, Volumax e 735005. Em Sete Lagoas, altos valores de CAP e baixos valores de CAV ocorreram nas combinações com SC283, Volumax 735005, Ponta Negra, BRS308 e 1G150. As demais combinações de DAS740 em Sete Lagoas apresentaram CAP e CAV baixos (Tabela 5). As combinações DAS740 x SC283, em Campo Novo do Parecis; DAS740 x 9920045 e DAS740 x 1G150,

em Patos de Minas e DAS740 x SC283, em Sete Lagoas, foram identificadas como dissociação de virulência. As combinações entre DAS740 x Ponta Negra e DAS740 x SHS500 foram identificadas como associações positivas em Sete Lagoas (Anexo 1B a 6B). Deve-se lembrar que a suscetibilidade deste híbrido em casa de vegetação ocorreu, em sua maioria, em plantas infectadas por *Peronosclerospora sorghi* e teve como consequência a ocorrência de pelo menos duas associações positivas.

A alta resistência dos híbridos Volumax e DAS740, observada em campo, refletiu na baixa frequência de virulência apresentada pelos isolados a estes híbridos e na ausência de associações positivas de virulência da maior parte de suas combinações. A utilização desses híbridos em um sistema de rotação de cultivares pode favorecer o controle da antracnose, por impor limites à adaptação *C. sublineolum*, por meio da diminuição na frequência de raças na população do patógeno.

Em Campo Novo do Parecis, altos valores de CAP e baixos valores de CAV, ou ambos os coeficientes baixos, foram observados para a maior parte das combinações. A linhagem SC283 apresentou CAV igual a zero na maioria das combinações, tendo dissociação de virulência desta linhagem sido observada com 1F305, 735005, DKB599, BR310, BRS308, 9920045, 1G150 e DAS740. Todas as combinações de Ponta Negra também apresentaram CAV igual a zero, exceto com SHS500, que foi identificada como associação positiva. Dissociação de virulência foi também observada entre 1F305 com BR304, BR310, 9920044, 9920045 e 1G150, e entre SHS500 com DKB599 e BR304. Associações positivas ocorreram nas combinações entre BR310 x 9920044, 735005 x 9920045, 735005 x BRS308 e 1F305 x BRS308 (Tabela 5, Anexo 1B).

Em Goiânia, alto CAP e baixo CAV foram observados entre as combinações de BR310 com BRS308, 1G150, 9920044, 9920045 e 9920044, 9920044 x 9920045 e 9920044 x 1G150 (Tabela 5). Dissociação de virulência

foi identificada entre SC283 com SHS500, 735005, BR310, BRS308, 9920044 e 1G150 e entre Ponta Negra, com 9920045 e 1G150, respectivamente. Doze associações positivas foram observadas entre as seguintes combinações: 1F305 x BRS308, todas as combinações de 735005, exceto com Ponta Negra e DAS740 (Anexo 2B). O baixo número de associações positivas em Goiânia pode ser explicado pela menor diversidade e complexidade observadas neste local.

Em Jardinópolis, altos valores de CAP e CAV foram observados nas combinações de BR009 com 1F305, SHS500, DKB599, BRS308, 9920044 e 9920044, SHS500 x BR304 e 735005 x DKB599. Neste local, SC283 apresentou CAV igual a zero e dissociação de virulência em todas as combinações, exceto com BR009 (Tabela 5). Vinte e três associações positivas, o maior número entre os locais, foram observadas. São elas: 1F305 x BRS308, SHS500 x 9920045, SHS500 x 1G150, 735005 x P. Negra, 735005 x 9920045, 735005 x 1G150, P. Negra x BR304, P. Negra x BR310, P. Negra x BRS308, P. Negra x 9920044, P. Negra x 9920045, P. Negra x 1G150, BR304 x BR310, BR304 x BRS308, BR304 x 9920044, BR304 x 9920045, BR304 x 1G150, BR310 x BRS308, BR310 x 9920044, BR310 x 9920045, BR310 x 1G150, 9920044 x 9920045 e 9920044 x 1G150 (Anexo 3B). Entre as quatro raças mais frequentes em Jardinópolis, três possuíam virulência a pelo menos dez genótipos de sorgo e uma FV acima de 0,4 ocorreu para a maior parte dos híbridos, o que pode ter determinado o maior número de associações positivas.

Altos valores de CAP e CAV ocorreram entre BR009 com SHS500, DKB599, BR304, BR310 e 9920044, em Patos de Minas. A maior parte das combinações teve alto CAP e baixo CAV, ou ambos os coeficientes com valor baixo (Tabela 5). Nenhuma associação positiva foi identificada entre as combinações neste local (Anexo 4B). Como dito antes, os isolados deste local foram amostrados de BR310, portanto, suscetível aos sete isolados, o que

significa que a ocorrência de baixos valores de CAV em algumas combinações com este híbrido deve-se à reação de resistência do outro híbrido.

O melhor resultado para 1F305 foi observado em Pelotas, onde CAVs igual a zero ocorreram. O mesmo resultado foi observado nas combinações entre os híbridos BRS308 x 1G150 e entre a linhagem SC283 com 1F305, 735005, Ponta Negra, 735005, BRS308 e 1G150 (Tabela 5). Dissociação de virulência ocorreu entre SC283 com SHS500, Ponta Negra, BRS308 e 1G150, e entre 1G150 com BRS308 e 9920045. Foram observadas sete associações positivas, das quais SHS500 x BR304, 735005 x 9920045, 735005 x 1G150, Ponta Negra x BRS308, DKB599 x BR304, BR304 x BR310 e entre BR310 x 9920044 (Anexo 5B).

O maior número de combinações com altos CAP e CAV foi observado em Sete Lagoas, onde nenhuma combinação apresentou CAV igual a zero. Somente os híbridos SC283, Volumax, 1F305 e DAS740 tiveram maior número de combinações com altos valores de CAP e baixos valores de CAV (Tabela 5). Vinte associações positivas foram encontradas, sendo elas entre SC283 x BRS308, 1F305 x BRS308, 1F305 x 1G150, SHS500 x BR304, SHS500 x DAS740, Ponta Negra x DKB599, Ponta Negra x BRS308, Ponta Negra x 1G150 e Ponta Negra x DAS740, BR310 x 9920044, BR310 x 9920045 e BR310 x 1G150 e BRS308 x 1G150 e entre o híbrido 735005 com todos os outros, exceto com BR304 e DAS740 (Anexo 6B). Esses resultados são consequência da complexidade e da alta diversidade na população de *C. sublineolum* observada em Sete Lagoas, como demonstrado pelos índices de diversidade e de complexidade. Associação de virulência em populações de *C. sublineolum* em Sete Lagoas já havia sido observada anteriormente (Casela & Ferreira, 1995; Casela et al., 2000b; Silva, 2006).

Combinações com baixos valores de ambos os coeficientes ocorreram com frequência nas populações avaliadas, indicando que a maior parte da

população está dissociada para virulência, como em combinações entre BRS308 com 1G150, 99200444 e 9920045 e DAS740 x BR310.

TABELA 5 Coeficientes de associação de patogenicidade (CAP) e virulência (CAV) a *C. sublineolum* em 105 combinações entre híbridos de sorgo, estimados em seis localidades.

Combinações	C. N. do Parecis		Jardinópolis		Goiânia		Patos de Minas		Pelotas		Sete Lagoas	
	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV
BR009 x SC283	0,150	0,150	0,026	0,026	0,091	0,091	0,143	0,143	0,087	0,087	0,262	0,262
BR009 x Volumax	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,143	0,143	0,000	0,000	0,048	0,048
BR009 x 1F305	0,350	0,350	0,564	0,564	0,227	0,227	0,143	0,143	0,000	0,000	0,357	0,357
BR009 x SHS500	0,950	0,950	0,641	0,641	0,818	0,818	1,000	1,000	0,826	0,826	0,952	0,952
BR009 x 735005	0,350	0,350	0,436	0,436	0,364	0,364	0,286	0,286	0,435	0,435	0,619	0,619
BR009 x P. Negra	0,000	0,000	0,231	0,231	0,636	0,636	0,429	0,429	0,043	0,043	0,405	0,405
BR009 x DKB599	0,850	0,850	0,718	0,718	0,591	0,591	0,714	0,714	0,957	0,957	0,714	0,714
BR009 x BR304	0,850	0,850	0,462	0,462	0,773	0,773	1,000	1,000	0,913	0,913	0,976	0,976
BR009 x BR310	0,600	0,600	0,282	0,282	0,364	0,364	1,000	1,000	0,870	0,870	0,786	0,786
BR009 x BRS308	0,350	0,350	0,513	0,513	0,182	0,182	0,143	0,143	0,043	0,043	0,357	0,357
BR009 x 9920044	0,600	0,600	0,564	0,564	0,455	0,455	0,571	0,571	0,696	0,696	0,881	0,881
BR009 x 9920045	0,350	0,350	0,462	0,462	0,455	0,455	0,429	0,429	0,522	0,522	0,786	0,786
BR009 x 1G150	0,150	0,150	0,436	0,436	0,318	0,318	0,143	0,143	0,217	0,217	0,452	0,452
BR009 x DAS740	0,050	0,050	0,000	0,000	0,000	0,000	0,143	0,143	0,000	0,000	0,167	0,167
SC283 x Volumax	0,850	0,000	0,974	0,000	0,909	0,000	1,000	0,143	0,913	0,000	0,738	0,024
SC283 x 1F305	0,500	0,000	0,410	0,000	0,682	0,000	0,571	0,000	0,913	0,000	0,714	0,167
SC283 x SHS500	0,200	0,150	0,333	0,000	0,182	0,045	0,286	0,143	0,174	0,043	0,310	0,262
SC283 x 735005	0,600	0,050	0,538	0,000	0,545	0,000	0,714	0,143	0,478	0,000	0,500	0,190
SC283 x P. Negra	0,850	0,000	0,744	0,000	0,455	0,091	0,714	0,143	0,870	0,000	0,619	0,143
SC283 x DKB599	0,200	0,100	0,256	0,000	0,500	0,091	0,143	0,143	0,130	0,087	0,500	0,238
SC283 x BR304	0,300	0,150	0,513	0,000	0,318	0,091	0,143	0,143	0,174	0,087	0,286	0,262
SC283 x BR310	0,350	0,050	0,692	0,000	0,545	0,000	0,143	0,143	0,217	0,087	0,476	0,262
SC283 x BRS308	0,500	0,000	0,462	0,000	0,727	0,000	0,571	0,000	0,870	0,000	0,762	0,190
SC283 x 9920044	0,450	0,100	0,410	0,000	0,455	0,000	0,429	0,143	0,391	0,087	0,381	0,262
SC283 x 9920045	0,600	0,050	0,513	0,000	0,545	0,045	0,714	0,143	0,565	0,087	0,476	0,262
SC283 x 1G150	0,700	0,000	0,538	0,000	0,682	0,045	0,857	0,143	0,696	0,000	0,619	0,167
SC283 x DAS740	0,800	0,000	0,974	0,000	0,909	0,000	1,000	0,143	0,913	0,000	0,714	0,071
Volumax x 1F305	0,650	0,000	0,436	0,000	0,773	0,000	0,571	0,000	1,000	0,000	0,690	0,048
Volumax x SHS500	0,050	0,000	0,359	0,000	0,182	0,000	0,286	0,143	0,174	0,000	0,095	0,048
Volumax x 735005	0,650	0,000	0,564	0,000	0,636	0,000	0,714	0,143	0,565	0,000	0,429	0,048
Volumax x P. Negra	1,000	0,000	0,769	0,000	0,364	0,000	0,714	0,143	0,957	0,000	0,643	0,048

“...continua...”

“TABELA 5, Cont.”

Combinações	C. N.do Parecis		Jardinópolis		Goiânia		Patos de Minas		Pelotas		Sete Lagoas	
	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV
Volumax x DKB599	0 150	0 000	0 282	0 000	0 409	0 000	0 143	0 143	0 043	0 000	0 333	0 048
Volumax x BR304	0.150	0.000	0.538	0.000	0.227	0.000	0.143	0.143	0.087	0.000	0.071	0.048
Volumax x BR310	0.400	0.000	0.718	0.000	0.636	0.000	0.143	0.143	0.130	0.000	0.262	0.048
Volumax x BRS308	0.650	0.000	0.487	0.000	0.818	0.000	0.571	0.000	0.957	0.000	0.643	0.024
Volumax x 9920044	0.400	0.000	0.436	0.000	0.545	0.000	0.429	0.143	0.304	0.000	0.167	0.048
Volumax x 9920045	0.650	0.000	0.538	0.000	0.545	0.000	0.714	0.143	0.478	0.000	0.262	0.048
Volumax x 1G150	0.850	0.000	0.564	0.000	0.682	0.000	0.857	0.143	0.783	0.000	0.548	0.024
Volumax x DAS740	0.950	0.000	1.000	0.000	1.000	0.000	1.000	0.143	1.000	0.000	0.833	0.024
1F305 x SHS500	0.400	0.350	0.564	0.385	0.409	0.227	0.429	0.286	0.174	0.000	0.357	0.333
1F305 x 735005	0.400	0.050	0.564	0.282	0.773	0.182	0.857	0.286	0.565	0.000	0.595	0.286
1F305 x P. Negra	0.650	0.000	0.513	0.154	0.318	0.091	0.857	0.286	0.957	0.000	0.619	0.190
1F305 x DKB599	0.400	0.300	0.658	0.474	0.545	0.182	0.286	0.286	0.043	0.000	0.500	0.286
1F305 x BR304	0.300	0.250	0.692	0.359	0.455	0.227	0.286	0.286	0.087	0.000	0.333	0.333
1F305 x BR310	0.450	0.200	0.667	0.256	0.773	0.182	0.286	0.286	0.130	0.000	0.429	0.286
1F305 x BRS308	1.000	0.350	0.897	0.487	0.955	0.182	1.000	0.286	0.957	0.000	0.810	0.262
1F305 x 9920044	0.250	0.100	0.641	0.385	0.591	0.136	0.571	0.286	0.304	0.000	0.476	0.357
1F305 x 9920045	0.500	0.100	0.538	0.282	0.500	0.091	0.857	0.286	0.478	0.000	0.476	0.310
1F305 x 1G150	0.500	0.000	0.615	0.308	0.455	0.000	0.429	0.000	0.783	0.000	0.810	0.310
1F305 x DAS740	0.700	0.050	0.436	0.000	0.773	0.000	0.571	0.000	1.000	0.000	0.667	0.095
SHS500 x 735005	0.400	0.350	0.795	0.436	0.545	0.364	0.571	0.429	0.609	0.435	0.619	0.595
SHS500 x P. Negra	1.000	0.950	0.590	0.231	0.727	0.591	0.571	0.429	0.217	0.043	0.405	0.381
SHS500 x DKB599	0.800	0.800	0.667	0.513	0.682	0.545	0.857	0.857	0.870	0.826	0.667	0.667
SHS500 x BR304	0.800	0.800	0.615	0.359	0.864	0.727	0.857	0.857	0.913	0.826	0.976	0.952
SHS500 x BR310	0.650	0.600	0.487	0.205	0.545	0.364	0.857	0.857	0.783	0.739	0.786	0.762
SHS500 x BRS308	0.400	0.350	0.615	0.385	0.364	0.182	0.429	0.286	0.217	0.043	0.357	0.333
SHS500 x 9920044	0.650	0.600	0.718	0.462	0.636	0.455	0.571	0.571	0.783	0.652	0.881	0.857
SHS500 x 9920045	0.400	0.350	0.769	0.436	0.636	0.455	0.571	0.429	0.609	0.478	0.738	0.738
SHS500 x 1G150	0.200	0.150	0.744	0.410	0.500	0.318	0.429	0.286	0.304	0.174	0.452	0.429
SHS500 x DAS740	0.100	0.050	0.359	0.000	0.182	0.000	0.286	0.143	0.174	0.000	0.048	0.000
735005 x P. Negra	0.650	0.000	0.795	0.231	0.727	0.364	0.714	0.286	0.609	0.043	0.786	0.405
735005 x DKB599	0.500	0.350	0.667	0.513	0.773	0.364	0.429	0.429	0.478	0.435	0.905	0.619
735005 x BR304	0.500	0.350	0.615	0.359	1.000	0.364	0.429	0.429	0.522	0.435	0.643	0.619
735005 x BR310	0.750	0.350	0.487	0.205	0.818	0.182	0.429	0.429	0.565	0.435	0.833	0.619
735005 x BRS308	1.000	0.350	0.615	0.385	0.909	0.364	0.857	0.286	0.609	0.043	0.738	0.357
735005 x 9920044	0.750	0.350	0.718	0.462	0.909	0.364	0.714	0.429	0.739	0.435	0.738	0.619

...”continua...”

“TABELA 5, Cont.”

Combinações	C. N. Parecis		Jardinópolis		Goiânia		Patos de Minas		Pelotas		Sete Lagoas	
	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV	CAP	CAV
735005 x 9920045	1.000	0.350	0.769	0.436	0.909	0.364	1.000	0.429	0.913	0.435	0.833	0.619
735005 x 1G150	0.800	0.150	0.744	0.410	0.955	0.318	0.571	0.143	0.783	0.217	0.833	0.452
735005 x DAS740	0.700	0.050	0.359	0.000	0.636	0.000	0.857	0.286	0.565	0.000	0.548	0.167
P. Negra x DKB599	0.150	0.000	0.513	0.231	0.955	0.591	0.429	0.429	0.087	0.043	0.690	0.405
P. Negra x BR304	0.150	0.000	0.769	0.231	0.864	0.636	0.429	0.429	0.130	0.043	0.429	0.405
P. Negra x BR310	0.400	0.000	0.949	0.231	0.727	0.364	0.429	0.429	0.174	0.043	0.524	0.357
P. Negra x BRS308	0.650	0.000	0.718	0.231	0.545	0.182	0.571	0.143	1.000	0.043	0.952	0.357
P. Negra x 9920044	0.400	0.000	0.667	0.231	0.818	0.455	0.714	0.429	0.348	0.043	0.524	0.405
P. Negra x 9920045	0.650	0.000	0.769	0.231	0.818	0.455	0.714	0.286	0.522	0.043	0.619	0.405
P. Negra x 1G150	0.850	0.000	0.795	0.231	0.682	0.318	0.571	0.143	0.826	0.043	0.952	0.405
P. Negra x DAS740	0.950	0.000	0.769	0.000	0.364	0.000	0.714	0.143	0.957	0.000	0.762	0.167
DKB599 x BR304	0.800	0.750	0.641	0.410	0.727	0.545	1.000	1.000	0.957	0.913	0.690	0.690
DKB599 x BR310	0.650	0.550	0.462	0.231	0.682	0.318	1.000	1.000	0.913	0.870	0.690	0.595
DKB599 x BRS308	0.400	0.300	0.692	0.462	0.591	0.182	0.286	0.286	0.087	0.043	0.548	0.310
DKB599 x 9920044	0.650	0.550	0.538	0.410	0.520	0.280	0.714	0.714	0.739	0.696	0.643	0.619
DKB599 x 9920045	0.375	0.188	0.590	0.385	0.520	0.280	0.429	0.429	0.565	0.522	0.738	0.619
DKB599 x 1G150	0.300	0.150	0.173	0.108	0.640	0.280	0.286	0.286	0.261	0.217	0.595	0.381
DKB599 x DAS740	0.200	0.050	0.282	0.000	0.409	0.000	0.143	0.143	0.043	0.000	0.405	0.143
BR304 x BR310	0.750	0.600	0.821	0.282	0.591	0.364	1.000	1.000	0.957	0.870	0.452	0.429
BR304 x BRS308	0.500	0.350	0.949	0.462	0.381	0.143	0.286	0.286	0.130	0.043	0.381	0.357
BR304 x 9920044	0.750	0.600	0.897	0.462	0.682	0.455	0.714	0.714	0.783	0.696	0.905	0.881
BR304 x 9920045	0.500	0.350	1.000	0.462	0.682	0.455	0.429	0.429	0.609	0.522	0.810	0.786
BR304 x 1G150	0.300	0.150	0.974	0.436	0.545	0.318	0.286	0.286	0.304	0.217	0.476	0.452
BR304 x DAS740	0.200	0.050	0.538	0.000	0.227	0.000	0.143	0.143	0.087	0.000	0.190	0.167
BR310 x BRS308	0.750	0.350	0.769	0.282	0.818	0.182	0.286	0.286	0.174	0.043	0.571	0.357
BR310 x 9920044	1.000	0.600	0.718	0.282	0.769	0.308	0.714	0.714	0.826	0.696	0.905	0.786
BR310 x 9920045	0.750	0.350	0.821	0.282	0.769	0.308	0.429	0.429	0.652	0.522	1.000	0.786
BR310 x 1G150	0.550	0.150	0.846	0.282	0.955	0.318	0.286	0.286	0.348	0.217	0.667	0.452
BR310 x DAS740	0.450	0.050	0.718	0.000	0.636	0.000	0.143	0.143	0.130	0.000	0.381	0.167
BRS308 x 9920044	0.250	0.100	0.590	0.333	0.545	0.091	0.571	0.286	0.348	0.043	0.476	0.357
BRS308 x 9920045	0.500	0.100	0.538	0.256	0.455	0.045	0.857	0.286	0.522	0.043	0.571	0.357
BRS308 x 1G150	0.500	0.000	0.667	0.308	0.500	0.000	0.429	0.000	0.739	0.000	0.810	0.310
BRS308 x DAS740	0.700	0.050	0.487	0.000	0.818	0.000	0.571	0.000	0.957	0.000	0.667	0.095
9920044 x 9920045	0.550	0.250	0.795	0.410	0.727	0.318	0.714	0.429	0.769	0.423	0.714	0.690
9920044 x 1G150	0.550	0.150	0.769	0.385	0.682	0.227	0.571	0.286	0.348	0.130	0.524	0.429
9920044 x DAS740	0.450	0.050	0.436	0.000	0.545	0.000	0.429	0.143	0.304	0.000	0.238	0.143
9920045 x 1G150	0.600	0.050	0.718	0.308	0.773	0.273	0.571	0.143	0.409	0.091	0.571	0.405
9920045 x DAS740	0.600	0.000	0.538	0.000	0.545	0.000	0.714	0.143	0.478	0.000	0.333	0.143
1G150 x DAS740	0.800	0.000	0.564	0.000	0.682	0.000	0.857	0.143	0.783	0.000	0.619	0.119

O baixo valor de CAV indica que uma pequena parte da população de *C. sublineolum* tem virulência associada aos híbridos. Cultivos consecutivos dos híbridos com esse comportamento podem favorecer a seleção de raças virulentas, aumentando-as na população do patógeno e, conseqüentemente, elevando a incidência da antracnose. O manejo da resistência por meio da rotação de cultivares pode atuar de forma a diminuir a frequência de raças virulentas, se um par de híbridos com associação negativa for usado. Exemplo disso foi observado em combinações de SC283, Volumax, 1G150 e DAS740. Em muitos casos, os baixos valores de CAV observados foram determinados pela resistência de um dos genótipos, como em combinações entre BR009, que foi suscetível a todas as raças e entre BR304, que apresentou alta frequência de virulência dos isolados testados, em todos os locais.

A presença de associações positivas de virulência em *C. sublineolum* pode também ter resultado da presença de genes de resistência em comum entre os genótipos avaliados (Casela & Ferreira, 1995). Como dito anteriormente, uma estreita base genética nos programas de melhoramento pode determinar tal situação. Associações podem ocorrer também porque os genes controlando a patogenicidade estão ligados ou são alélicos ou, ainda, porque os genes que determinam patogenicidade a uma determinada cultivar têm efeito pleiotrópico ou epistáticos que alteram a resposta de uma outra cultivar (Casela & Ferreira, 1995).

Até recentemente, as associações positivas na ausência de recombinação sexual em *C. sublineolum*, pelo menos em parte, eram explicadas considerando-se que, em organismos de reprodução predominantemente assexuada, uma determinada combinação de genes de virulência pode ser mantida na população, mesmo sem estar efetivamente ligados (Wolfe & Knott, 1982; Casela & Ferreira, 1995; Casela et al., 2000a). No entanto, a ocorrência de ciclo parassexual foi observada por Souza-Paccola et al. (2003). Por meio de teste de

patogenicidade, observou-se que recombinação entre isolados que haviam apresentado baixa virulência gerou descendentes mais virulentos. Os autores sugerem que o ciclo parassexual também é um mecanismo responsável pela alta variabilidade de *C. sublineolum*. Dessa forma, pelo menos dois fatores conhecidos podem favorecer a ocorrência de raças com virulência na população e desencadear associações positivas de virulência.

Estes resultados evidenciaram a existência de diferenças na estrutura populacional do patógeno em cada localidade. Melhor caracterização da população poderia ser alcançada se a amostragem fosse realizada em épocas diferentes durante o ciclo da cultura, e se 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.

Híbridos que apresentaram maior suscetibilidade em campo e para os quais alta frequência de virulência foi observada, como BR304 e SHS500, tiveram muitas combinações com altos valores de CAP e CAV. Outros híbridos, como DKB599, que em campo apresentou resistência intermediária e alta frequência de virulência, ou 735005, que foi altamente resistente em campo e apresentou frequência de virulência intermediária, variaram quanto aos valores de CAP e CAV. Por outro lado, híbridos como Volumax, DAS740 e 1G150 e a linhagem SC283, altamente resistentes em campo e para os quais baixa frequência de virulência foi observada, tiveram muitas combinações em que altos valores de CAP e CAV igual a zero ocorreram. Esses resultados mostram que a existência de associações de virulência depende da resistência dos genótipos componentes de uma combinação e também da estrutura da população de *C. sublineolum* em cada local. Dessa forma, estratégias de manejo da doença que visam impor limites à adaptação do patógeno ao hospedeiro podem ser viabilizadas com base nas melhores combinações encontradas em cada local, como, por exemplo, da combinação entre os híbridos forrageiros Volumax e

1F305, em um sistema rotação de genes. Esta combinação poderia ser manejada em todos os locais, dado que a dissociação de virulência ocorreu.

4 CONCLUSÕES

1. A maior diversidade e a maior complexidade ocorreram em Sete Lagoas e raças com fatores de virulência acima de sete prevaleceram.

2. Raças com número de virulência intermediário prevaleceram nas populações avaliadas.

3. Baixa frequência de virulência foi apresentada aos híbridos Volumax, DAS740 e SC283 e alta frequência de virulência observada para SHS500, BR304 e DKB599, em todos os locais.

4. Associações positivas de virulência foram identificadas, em sua maioria, nas combinações entre híbridos que apresentaram suscetibilidade em campo e alta frequência de virulência das raças.

5. Os híbridos Volumax e DAS740 apresentaram o maior número de combinações com potencial para serem usadas no manejo da resistência a doença.

6. A existência de diferenças na estrutura de populações de *C. sublineolum* determina a ocorrência de associação ou dissociação de virulência em combinações entre os genótipos de sorgo.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

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

BROWDER, L.E.; EVERSMEYER, M.G. Pathogenicity associations in *Puccinia recondita tritici*. **Phytopathology**, Saint Paul, v.67, n.6, p.766-771, June 1977.

CARDWEL, K.F.; HEPPELY, P.R.; FREDERIKISEN, R.A. Pathotypes of *Colletotrichum graminicola* and transmission of sorghum anthracnose. **Plant Disease**, Quebec, v.73, n.3, p.255-257, Mar. 1989.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Associações de virulência em *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose do sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.20, n.1, p.33-38, fev. 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.; SANTOS, F.G. Associação de virulência de *Colletotrichum graminicola* à resistência genética em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.23, n.2, p.143-146, jun. 1998.

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

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; SANTOS, F.G. Diversidade fenotípica de *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.25, n.1, p.95-97, jan. 2000a.

CASELA, C.R.; SANTOS, F.G.; FERREIRA, A.S. Associações de patogenicidade e diversidade fenotípica de *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.25, n.3, p.517-521, jun. 2000b.

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**, Sete Lagoas, v.3, n.1, p.30-37, fev. 2004.

COSTA, R.V.; CASELA, C.R.; ZAMBOLIM, L.; FERREIRA, A.S. A antracnose do sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.28, n.4, p.345-354, ago. 2003.

FERREIRA, A.S.; CASELA, C.R. Raças patogênicas de *C. graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo (*Sorghum bicolor*). **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.11, n.1, p.83-87, mar. 1986.

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

GROTH, J.V.; ROELFS, P.A. The concept and measurement of phenotypic diversity in *Puccinia graminis* on Wheat. **Phytopathology**, Saint Paul, v.77, n.10, p.1395-1399, Oct. 1987.

HABGOOD, R.M. Designation of physiologic races of plant pathogens. **Nature**, London, v.227, n.5264, p.1268-1269, Sept. 1970.

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

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

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

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

LEBEDA, A. Population genetics of lettuce downy mildew (*Bremia lactucae*). **Phytopathology**, Saint Paul, v.71, n.2, p.228-239, Feb. 1981.

MATHUR, K.; THAKUR, R.P.; NEYA, A.; MARLEY, P.S.; CASELA, C.R.; ROSEWICH, L.U. Sorghum anthracnose: problem and management strategies. In: GLOBAL 2000: SORGHUM AND MILLET DISEASES, 3., 2000, Guanajuato. **Proceedings...** Instomil: Sorghum and Millet International Research, 2003. p.1-27.

NAKAMURA, K. **Especialização fisiológica em *Colletotrichum graminicola* (CES). (Wils) senso (Arx).** 1982. 147f. Tese (Livre Docência em Fitopatologia)-Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

OTT, L. **An introduction to statistical methods and data analysis.** Boston: Plus Kent, 1988. 885p.

PANDE, S.; THAKUR, R.P.; KARUNAKAR, R.I.; BANDYOPADHYAY, R.; REDDY, B.V.S. Development of screening methods and identification of stable resistance to anthracnose in sorghum. **Field Crops Research**, Saint Paul, v.38, n.3, p.157-166, Sept. 1994.

PASTOR-CORRALES, C.; FREDERIKSEN, R.A. Sorghum anthracnose. In: INTERNATIONAL WORKSHOP OF SORGHUM DISEASES, 1., 1978, Hyderabad. **Proceedings...** Andhra Pradesh: ICRISAT, 1978. p.289-294.

ROSEWICH, L.U.; PETTWAY, R.E.; MCDONALD, B.A.; DUNCAN, R.R.; FREDERIKSEN, R.A. Genetic structure and temporal dynamics of a *Colletotrichum graminicola* population in a sorghum disease nursery. **Phytopathology**, Saint Paul, v.88, n.10, p.1087-1093, Oct. 1998.

SILVA, D.D. **Resistência de híbridos de sorgo a *Colletotrichum sublineolum*: previsibilidade por meio da reação de linhagens progenitoras.** 2006. 124f. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia)-Universidade Federal de Lavras, Lavras.

SILVA, D.D.; CASELA, C.R.; CASTRO, H.A.; SANTOS, F.G.; FERREIRA, A.S. Diversidade populacional de *Colletotrichum sublineolum*, em seis localidades no Brasil. **Summa Phytopathologica**, Jaguariúna, v.34, n.2, p.149-155, abr./jun. 2008.

SOUZA-PACCOLA, E.A.; FÁVARO, L.C.L.; CASELA, C.R.; PACCOLA-MEIRELLES, C. Genetic recombination in *Colletotrichum sublineolum*. **Phytopathology**, Saint Paul, v.151, n.6, p.329-334, June 2003.

WOLFE, P.S.; KNOT, D.R. Populations of plant pathogens: some constraints on analysis of variation in pathogenicity. **Plant Pathology**, Washington, v.31, n.1, p.79-90, Mar. 1982.

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

**CAPÍTULO 4: DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Colletotrichum
sublineolum* PROVENIENTE DE DIFERENTES LOCAIS DO BRASIL**

RESUMO

Foi objetivo deste trabalho avaliar a diversidade genética em *Colletotrichum sublineolum* de diferentes origens geográficas no Brasil. Cento e quarenta e sete isolados de *C. sublineolum* amostrados em nove regiões geográficas do Brasil foram avaliados por meio de marcadores intermicrossatélites (ISSR). Entre dezoito *primers* analisados, os ISSR (AAC) e (ACA) apresentaram o maior polimorfismo. Dezenove bandas foram reveladas e discriminaram 54 genótipos diferentes. Uma tendência de agrupamento em função da região geográfica foi observada em todos os locais, embora a dissimilaridade genética entre isolados tenha sido baixa. A população de Pelotas, RS, foi a mais homogênea, pois, de um total de 19 isolados, 16 pertenciam a um único genótipo. Uma maior heterogeneidade foi apresentada em Sete Lagoas, MG, Mineiros, GO e no Distrito Federal. Maior diversidade foi apresentada por meio da análise de virulência em relação aos marcadores. Nenhuma associação entre raças e marcadores ISSR foi observada. Muitos isolados amostrados no mesmo híbrido apresentaram alta similaridade genética, indicando a ocorrência de adaptação ao hospedeiro.

*Comitê orientador: Hilário Antônio de Castro – UFLA (orientador), Carlos Roberto Casela – Embrapa/ Milho e Sorgo (coorientador).

ABSTRACT

The objective of this work was to evaluate the genetic diversity in *Colletotrichum sublineolum* from different geographic origins in Brazil. Four hundred and forty seven isolates of *C. sublineolum* sampled in nine geographic areas in Brazil were evaluated through molecular marker inter simple sequence repeat marker (ISSR) and the REP and ERIC primers. From eighteen evaluated primers, the ISSR – (AAC) and (ACA) ones showed the highest polymorphism. Nineteen bands were revealed and discriminated fifty four different genotypes. Despite the low dissimilarity among isolates, one trend of clustering according to the geographical origin was observed in all areas. The Pelotas - RS population was the most homogeneous and approximately nineteen isolates, sixteen belonged to the single genotype. The highest heterogeneity were observed in Sete Lagoas - MG, Mineiros - GO and Distrito Federal. Higher diversity was showed by virulence analysis than ISSR marker. No association between races and molecular marker was observed. Many isolates sampled in the same hybrid showed higher genetic similarity indicating the occurrence of adaptation to the host.

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

1 INTRODUÇÃO

Marcadores moleculares têm sido amplamente utilizados, em fitopatologia, visando à caracterização da diversidade genética e a detecção de patógenos, além de mapeamento e identificação de genes ou sequências de interesse presentes em plantas e patógenos (Santana et al., 2006). Na cultura do sorgo, trabalhos com marcadores moleculares identificaram genes e ou mecanismos de resistência a patógenos e visam maior eficiência no melhoramento genético (Hipskind et al., 1996; Boora et al., 1998; Mehta et al., 2005; Singh et al., 2006; Wang et al., 2006; Reddy et al., 2008; Perumal et al., 2009). O conhecimento da estrutura genética na população do *C. sublineolum*, agente etiológico da antracnose do sorgo, torna-se necessário, dada a grande variabilidade apresentada pelo patógeno e pode ajudar a direcionar os programas de melhoramento e fornecer informações que viabilizem estratégias de manejo da doença em função da estrutura populacional de diferentes regiões de cultivo do sorgo.

Até o momento, trabalhos com marcadores moleculares em populações de *C. sublineolum* foram, em sua maioria, por meio de marcadores RAPD (DNA polimórfico amplificado ao acaso) e RFLP (polimorfismo no comprimento de fragmento de restrição) (Casela, 1992; Guthrie et al., 1992; Rosewich et al., 1998; Mathur et al., 2001; Valério et al., 2005). Dentre as limitações no uso desses marcadores, estão a baixa reprodutibilidade do RAPD e o fato de o desenvolvimento de marcadores RFLP ser um processo caro e laborioso (Caixeta et al., 2009).

Uma alternativa a esses marcadores é a utilização de marcadores intermicrossatélite, ou ISSR (do inglês *inter sequence simple repeat*). Nessa metodologia, repetições di ou trinucleotídeos, ancoradas com dois a quatro

nucleotídeos em uma das extremidades, são utilizadas como *primers* para PCR. ISSRs são marcadores baseados nas repetições microssatélites, codominantes e altamente reproduzíveis (Zietkiewicz et al., 1994; Caixeta et al., 2009). Trabalhos em diferentes patógenos utilizando esses marcadores possibilitaram analisar a variabilidade genética entre isolados e espécies, a origem geográfica e a especificidade ao hospedeiro (Lu et al., 2004; Wang et al., 2005; Takatsuka, 2007; Bayraktar et al., 2008), o que demonstra que marcadores ISSR são altamente informativos.

Um grande número de informações sobre populações de patógenos é obtido por meio de marcadores moleculares e podem ajudar a esclarecer fatores que influenciam a variabilidade entre isolados e entre regiões. Esse tipo de conhecimento pode ser uma ferramenta útil para a definição de estratégias que aumentem a durabilidade da resistência.

Foi objetivo deste trabalho caracterizar a diversidade genética de populações de *C. sublineolum* por meio de marcadores moleculares, obtidas em diferentes localidades no Brasil.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos utilizando-se a infraestrutura do Laboratório de Manejo de Plantas Daninhas e do Laboratório de Biologia Molecular da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Milho e Sorgo, em Sete Lagoas, MG.

2.1 Obtenção de massa micelial de *C. sublineolum*

Para a obtenção de massa micelial de *C. sublineolum*, 153 isolados monospóricos de *C. sublineolum* obtidos em Campo Novo Parecis, MT, Distrito Federal, DF, Goiânia, GO, Jardinópolis, SP, Mineiros, GO, Patos de Minas, MG, Pelotas, RS, Primavera do Leste, MT e Sete Lagoas, MG, foram transferidos para placas de Petri contendo meio de ágar-farinha de aveia (FAA) e mantidos a 25°C, por 7 dias. Fragmentos de micélio foram, então, transferidos para erlenmeyers contendo 100 mL de meio líquido YES (10 g/L de sacarose, 6g/L de extrato de levedura e 6g/L de caseína) adicionados de 1 mL dos antibióticos streptomomicina e tetraciclina (0,300 mg/mL). Os frascos foram mantidos em agitador com velocidade de 105 rpm, a 28°C, por 72 horas. A massa micelial foi filtrada em duas camadas de gaze esterilizada e, em seguida, armazenada em papel de filtro esterilizado identificado. As amostras foram liofilizadas por 18 horas, protegidas por papel alumínio e armazenadas em freezer, a -20°C, até o momento da extração do DNA.

2.2 Extração de DNA genômico

Utilizou-se a metodologia de extração de DNA descrita por Saghai-Marooof et al. (1984), modificada. As amostras foram moídas em nitrogênio

líquido, até a obtenção de um pó fino e adicionaram-se 350 µL de tampão CTAB [2% (m/v) CTAB; 0,2 M Tris- HCl (pH 7,5); 1,4 M NaCl; 0,02 M EDTA (pH 8,0); 2% (v/v) 2β- mercaptoetanol]. A mistura foi mantida em banho-maria, a 65°C, durante uma hora. Após resfriamento por 5 minutos em condição ambiente, promoveu-se a lavagem com igual volume de solução de clorofórmio-octanol (24:1 v/v), com homogeneização constante por 20 minutos. O material foi centrifugado a 14.000 rpm, por 10 minutos e o sobrenadante transferido para novo microtubo, ao qual adicionaram-se 300 µL de isopropanol, sendo mantido a -20°C por, no mínimo, uma hora. Os microtubos foram centrifugados a 14.000 rpm por 10 minutos, o sobrenadante descartado e o precipitado lavado com 140 µL de etanol 70% (v/v) gelado. Os tubos foram novamente centrifugados por 10 minutos, a 14.000 rpm. O sobrenadante foi descartado e o precipitado foi seco em estufa, a 65°C, por cinco minutos. Os DNAs precipitados foram ressuspensos em 50 µL de tampão TE contendo de RNase A (10 mM Tris-HCl; 1 mM EDTA, pH 8,0; 0,1 µg/µL RNase A). A concentração das amostras foi quantificada em espectrofotômetro Nanodrop e ajustada para 10 ng/µL, diluindo-se o DNA estoque em água ultrapura. O DNA foi, então, armazenado a -20°C, até o momento da amplificação.

2.3 Amplificação do DNA

As condições de amplificação e os *primers* com maior polimorfismo foram previamente determinados analisando-se o polimorfismo gerado nos isolados 01, 03, 05, 50, 51, 53, 61, 137 e 244, por dezesseis *primers* ISSR (Tabela 1). As reações de amplificação por PCR foram preparadas em um volume final de 20µL, consistindo de 3µL de DNA (10ng/µL), 20 mM Tris-HCl (pH 8,4), 50 mM KCl, 2 mM MgCl₂, 1 U Taq DNA polimerase (Invitrogen, Carlsbad, CA), 0,125 mM dNTPs e 0,5 uM de cada *primer*.

O DNA foi inicialmente desnaturado a 94°C, por 2 minutos, seguido de 35 ciclos de amplificação, sendo cada um apresentado por: 94°C, por 1 minuto; 45°C, por um minuto e 72°C, por dois minutos. A reação foi finalizada por um ciclo de 72°C, por 10 minutos, mantendo-se as reações a 10°C até a retirada da amostra. Todas as amplificações foram realizadas em termociclador Applied Biosystems - PCR System 9700. Às reações, foram adicionados 4 µL de corante, sendo submetidas a eletroforese em gel de agarose a 1,5% (m/v), a 100 V, durante uma hora e trinta minutos, em tampão 40 mM Tris-acetato (1 mM EDTA, pH 8,0). Em seguida, o gel foi incubado em solução de brometo de etídio (1µg/mL) por 20 minutos e o excesso foi eliminado em água, por 5 minutos, visualizado sob luz ultravioleta e fotografado no equipamento Kodak - Gel logic 200.

TABELA 1 Descrição dos primers utilizados.

<i>Primer</i>	Sequência (5' para 3')	Temperatura de anelamento (°C)
CCA	(AGT) (AGT) C CAC CAC CAC CAC CA	49,20
ACA	(CGT) (AGT) (CGT) ACA ACA ACA ACA ACA	48,40
CGA	(AGT) (ACT) (CGT) CGA CGA CGA CGA CGA	59,00
GACA	GAC AGA CAG ACA GAC A	49,20
AAC	(CGT) (CGT) (AGT) AAC AAC AAC AAC AAC	48,40
GT	(CT) (ACT) (CT) GTG TGT GTG TG	42,70
ACTG	ACT GAC TGA CTG ACT G	49,20
CAC	CAC CAC CAC CAC CAC	50,00
(GTG)6	GTG GTG GTG GTG GTG GTG	64,45
(GCGT)4	GTGT GTGT GTGT GTGT	64,40
(CTC) 4GC	CTC CTC CTC CTC GC	56,47
(AG)8TC	AG AG AG AG AG AG AG AG TC	57,62
(GA)6GG	GA GA GA GA GA GA GG	52,61
(GA)8AT	GA GA GA GA GA GA GA AT	54,78
(AAG)6	AAG AAG AAG AAG AAG AAG	50,79
(TG)8GT	TG TG TG TG TG TG TG TG GT	57,62

2.4 Avaliação

Os fragmentos de DNA gerados pelas análises de ISSR foram avaliados mediante inspeção visual dos géis. Bandas de mesmo peso molecular, em indivíduos diferentes, foram consideradas idênticas e designadas em função da ausência (0) e presença (1) no gel.

2.5 Análise e interpretação dos resultados

Os dados foram analisados empregando-se o programa Genes. A matriz de similaridade foi calculada com base no coeficiente de Jaccard, dado pela fórmula $S_{ij} = a/(a+b+c)$, em que a é o número de bandas polimórficas compartilhadas por i e j , b é o número de bandas presentes em i e ausentes em j e c é número de bandas presentes em j e ausentes em i .

A matriz gerada pelo coeficiente de Jaccard foi utilizada para produzir um dendrograma (UPGA), por meio do programa Statistica. Os subgrupos do dendrograma foram identificados com números romanos que variaram de um a seis, agrupados entre quatro grupos principais, à dissimilaridade de 13,7%.

À medida que a dissimilaridade de Jaccard se aproximou de zero (0%), os indivíduos foram considerados similares. Uma tabela com os dados constando o agrupamento genético dos indivíduos, a origem geográfica, o hospedeiro em que as amostras foram obtidas e a raça correspondente dos isolados foi confeccionada, para facilitar a compreensão dos agrupamentos.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Entre os dezesseis *primers* ISSR, os trinucleotídeos, AAC e ACA foram identificados como capazes de gerar maior informação sobre a diversidade em *C. sublineolum*. Dezenove bandas foram geradas por esses dois *primers* com tamanho entre 500 e 5.090 pares de bases. Os *primers* AAC e ACA também foram selecionados como mais polimórficos na avaliação de isolados endofíticos de *Colletotrichum* sp. de diferentes espécies florestais (Lu et al., 2004).

Entre os 153 isolados, 6 apresentaram problemas na amplificação e foram eliminados, de tal forma que 147 foram avaliados, sendo 8 de Campo Novo do Parecis, 18 do Distrito Federal, 35 de Goiânia, 19 de Jardinópolis, 17 de Mineiros, 2 de Patos de Minas, 19 de Pelotas, 2 de Primavera do Leste e 27 de Sete Lagoas (Tabela 2). Um grupo principal, à dissimilaridade de 25%, gerou outros três grupos, numerados de II a VI, correspondentes a 54 genótipos de *C. sublineolum*, à distância de 6% (Figura 1). Baixa dissimilaridade genética entre os isolados foi observada, mas muitos subgrupos se formaram, havendo tendência de agrupamento por região. Apesar dessa tendência, isolados de regiões diferentes também pertenceram ao mesmo genótipo. Diferenciação geográfica em populações de *C. sublineolum* foi observada, na Índia, por Guthrie et al. (1992) e Valério et al. (2005), no Brasil. De acordo com os últimos autores, podem existir barreiras físicas ou biológicas que evitam o fluxo gênico entre as populações. Resultado diferente foi obtido por Casela (1992) que não observou diferenciação geográfica por meio de virulência e marcadores RAPD em populações amostradas em 1989 e 1990, em diferentes locais do Brasil e dos Estados Unidos.

Em Pelotas, predominou o genótipo IV45, que correspondeu a 84,21% dos genótipos identificados neste local. Esta homogeneidade da população de

Pelotas pode ser devido ao isolamento geográfico desse local em relação aos outros. A cidade de Pelotas se encontra no extremo sul do Brasil e seu clima tendem mais para o frio, enquanto os outros locais pertencem às regiões centro-oeste (Campo Novo do Parecis, Distrito Federal, Goiânia, Mineiros e Primavera do Leste) e sudeste (Jardinópolis, Patos de Minas e Sete Lagoas), em que o clima é mais quente e o acesso mais fácil, favorecendo a ocorrência de fluxo gênico entre estas regiões. Apesar do isolamento geográfico de Pelotas, três isolados de Campo Novo do Parecis e Goiânia e quatro de Jardinópolis também são do grupo IV45, indicando que fluxo gênico ocorre entre as populações, mesmo que isso aconteça em baixa intensidade.

Outro fator que pode ter contribuído para uma menor diversidade genética em Pelotas é a adaptação ao hospedeiro, dado que todos os isolados deste local foram obtidos do híbrido DBK599. Os isolados 159, 167, 169 e 175, identificados no segundo capítulo deste trabalho como raça 177.27, foram similares. No entanto, associação entre raças e marcador molecular foi descartada, uma vez que muitos isolados, classificados como raças diferentes, foram iguais geneticamente (Tabela 2). Este resultado foi semelhante ao observado por Rosewich et al. (1998), em que apenas nove genótipos de *C. sublineolum* foram identificados entre 411 isolados amostrados. De acordo com tais autores, a baixa diversidade genotípica resultou da predominância de um genótipo com frequência de 80%, em três anos de avaliação.

Maior heterogeneidade foi observada na população de Sete Lagoas, que apresentou isolados distribuídos em vários agrupamentos, embora predominassem genótipos do subgrupo IV. Do total de 27 isolados, os genótipos 24 e 39 corresponderam a 18,5% e 14,8 %, respectivamente (Tabela 2, Figura 1). Essa heterogeneidade condiz com a maior diversidade fenotípica observada anteriormente neste trabalho por índices de Shannon e Gleason. Diferente de Pelotas, um número maior de híbridos foi utilizado na amostragem dos isolados,

mas, uma tendência de agrupamento em função do hospedeiro também foi observada. Por exemplo, todos os isolados amostrados em BR304 são do subgrupo IV e os isolados 61, 62, 64 e 66, amostrados no híbrido BRS610, ao subgrupo III.

Em Goiânia, com exceção dos isolados 134 e 137, classificados no subgrupo III13, e o isolado 142, no subgrupo III10, prevaleceram genótipos do subgrupo IV. Do total de 35 isolados avaliados, e dentro do subgrupo IV, três genótipos (35, 37 e 41) corresponderam a 60% dos genótipos identificados neste local (Tabela 2, Figura 1). Embora as amostragens tenham sido realizadas em diferentes híbridos de sorgo, houve similaridade entre os isolados.

O isolado 41 (grupo I), amostrado em Jardinópolis, não se agrupou com qualquer outro isolado, à distância de 25%. Apesar de uma heterogeneidade nos agrupamentos ter sido observada, seis isolados foram classificados no subgrupo VI, formado apenas por isolados deste local (Tabela 2, Figura 1).

Resultado semelhante ao de Sete Lagoas, quanto à heterogeneidade, foi observado em Mineiros e no Distrito Federal. Em ambos os locais, muitos isolados também foram classificados como um único genótipo. Em Campo Novo do Parecis, prevaleceram os isolados do subgrupo IV, sendo o genótipo 45 o mais frequente, amostrado no híbrido AG1018 (Tabela 2).

A dispersão de *C. sublineolum* se dá, principalmente, por respingos de água de chuva ou irrigação (Nicholson & Moraes, 1980), limitando a disseminação a longas distâncias e pode ter favorecido a regionalização nas populações avaliadas. No caso de isolados geograficamente distantes mas geneticamente iguais, pode ter ocorrido dispersão por sementes, já que esta é uma forma de disseminação a longas distâncias (Cardwel et al., 1989). A dispersão de conídios pelo vento, por meio da matriz de esporos, que serve de proteção contra o ressecamento, também pode ocorrer na forma de massa seca (Nicholson & Moraes, 1980).

TABELA 2 Agrupamento genético, região geográfica, cultivar, parte da planta e raça correspondente de isolados de *C. sublineolum*.

¹ Agrupamento	Isolado	Origem geográfica	Híbrido/Parte da Planta	Raça	
VI 54	01	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	² N.D
II 10	02	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Nervura	ND
VI 52	03	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	129.01
V 51	04	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Nervura	129.40
VI 53	05	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	129.17
IV 45	06	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	01.00
VI 54	07	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	153.63
VI 54	09	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	03.00
V 50	10	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	01.24
IV 26	11	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Nervura	ND
VI 52	23	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	137.37
V 51	25	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	209.48
IV 45	26	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	01.35
IV 45	40	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	153.63
I 1	41	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	177.24
IV 45	42	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	185.61
V 50	43	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	ND
IV 24	45	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	185.63
III 18	46	Jardinópolis, SP	Desconhecida	Limbo	249.45
V 49	50	Sete Lagoas, MG	1F305	Limbo	ND
II 4	51	Sete Lagoas, MG	1F306	Nervura	ND
II 9	54	Sete Lagoas, MG	1F305	Nervura	ND
III 15	55	Sete Lagoas, MG	1F305	Limbo	57.21
III 15	57	Sete Lagoas, MG	1F305	Limbo	ND
II 4	58	Sete Lagoas, MG	1F305	Nervura	ND
III 15	59	Sete Lagoas, MG	1F305	Limbo	137.60
IV 20	60	Sete Lagoas, MG	1F305	Limbo	185.41
III 17	61	Sete Lagoas, MG	BRS610	Limbo	161.19
III 18	62	Sete Lagoas, MG	BRS610	Limbo	177.63
III 18	64	Sete Lagoas, MG	BRS610	Limbo	179.27
III 14	66	Sete Lagoas, MG	BRS610	Limbo	177.19
IV 25	67	Sete Lagoas, MG	BRS610	Limbo	219.63
V 47	68	Sete Lagoas, MG	BRS610	Limbo	241.19
IV 25	69	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	17.97
IV 35	71	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	255.31
IV 39	72	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	251.63
IV 35	73	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	121.43
IV 24	74	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	57.63

“...continua...”

“TABELA 2, Cont.”

¹ Agrupamento	Isolado	Origem geográfica	Híbrido/Parte da Planta	Raça	
IV 24	75	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	219.63
IV 39	76	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	243.12
IV 24	77	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	179.27
IV 24	78	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	187.63
IV 39	79	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	209.25
IV 24	80	Sete Lagoas, MG	BR304	Limbo	251.12
IV 39	91	Sete Lagoas, MG	BR009	Limbo	17.09
IV 41	92	Sete Lagoas, MG	BR009	Limbo	113.09
IV 39	101	Patos de Minas, MG	BR310	Colmo	ND
V 46	108	Patos de Minas, MG	BR310	Limbo	249.27
IV 35	111	Goiânia, GO	BRS610	Limbo	ND
IV 39	112	Goiânia, GO	SHS500	Limbo	ND
IV 39	113	Goiânia, GO	1F305	Limbo	ND
IV 41	114	Goiânia, GO	BR700	Limbo	ND
IV 37	115	Goiânia, GO	BR501	Limbo	ND
IV 35	117	Goiânia, GO	Ponta Negra	Nervura	113.19
IV 37	118	Goiânia, GO	BR601	Limbo	ND
IV 37	119	Goiânia, GO	SHS500	Limbo	ND
IV 37	120	Goiânia, GO	735005	Nervura	65.00
IV 43	121	Goiânia, GO	735040	Nervura	ND
IV 40	122	Goiânia, GO	BR009	Limbo	ND
IV 41	123	Goiânia, GO	735042	Nervura	81.25
IV 37	124	Goiânia, GO	BR501	Limbo	17.08
IV 37	130	Goiânia, GO	BR009	Limbo	ND
IV 35	131	Goiânia, GO	BR506	Limbo	241.41
IV 30	132	Goiânia, GO	735040	Nervura	249.31
IV 29	133	Goiânia, GO	BR601	Limbo	ND
III 13	134	Goiânia, GO	BR700	Limbo	ND
IV 41	135	Goiânia, GO	BR009	Limbo	ND
IV 41	136	Goiânia, GO	SHS500	Limbo	211.49
III 13	137	Goiânia, GO	Ponta Negra	Limbo	195.01
IV 41	138	Goiânia, GO	BR009	Limbo	ND
IV 41	139	Goiânia, GO	BR501	Limbo	81.01
IV 45	140	Goiânia, GO	736123	Limbo	ND
IV 35	141	Goiânia, GO	BR009	Limbo	ND
II 10	142	Goiânia, GO	BR700	Limbo	65.00
IV 37	144	Goiânia, GO	BR601	Limbo	153.07
IV 41	145	Goiânia, GO	BR009	Limbo	ND
IV 41	146	Goiânia, GO	BR009	Limbo	241.57
IV 35	147	Goiânia, GO	Ponta Negra	Limbo	241.51
IV 35	148	Goiânia, GO	BR610	Limbo	209.59
IV 24	149	Goiânia, GO	BR009	Limbo	ND

“...continua...”

“TABELA 2, Cont.”

Agrupamento	Isolado	Origem geográfica	Híbrido/Parte da Planta	Raça	
IV 45	150	Goiânia, GO	BR506	Limbo	145.59
IV 45	151	Goiânia, GO	BR501	Limbo	145.01
IV 27	152	Goiânia, GO	BR009	Limbo	209.56
IV 42	154	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	ND
IV 45	155	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	ND
IV 45	156	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	145.01
IV 36	157	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	145.27
IV 42	158	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	145.31
IV 45	159	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	177.27
IV 45	162	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	145.11
IV 45	163	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	177.59
IV 45	164	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	145.59
IV 45	165	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	177.19
IV 45	167	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	177.27
IV 45	168	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	177.11
IV 45	169	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	177.27
IV 45	170	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	145.43
IV 45	171	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	ND
IV 45	172	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	ND
IV 45	173	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	145.03
IV 45	175	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	177.27
IV 22	177	Pelotas, RS	DKB599	Limbo	161.34
IV 23	201	Campo N. do Parecis,	822	Limbo	ND
IV 34	202	Campo N. do Parecis,	822	Limbo	ND
IV 19	204	Campo N. do Parecis,	822	Limbo	179.11
II 2	213	Primavera do Leste,	822	Limbo	177.24
IV 38	216	Campo N. do Parecis,	AG1018	Limbo	ND
IV 38	217	Campo N. do Parecis,	AG1018	Limbo	153.07
IV 45	219	Campo N. do Parecis,	AG1018	Limbo	ND
IV 45	220	Campo N. do Parecis,	AG1018	Limbo	ND
IV 45	221	Campo N. do Parecis,	AG1018	Limbo	ND
IV 21	222	Primavera do Leste,	822	Limbo	ND
IV 33	239	Distrito Federal	DAS740	Limbo	ND
II 8	240	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 33	241	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 44	245	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 32	246	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 28	247	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 28	248	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
II 3	249	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 30	250	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND

“...continua...”

“TABELA 2, Cont.”

Agrupamento	Isolado	Origem geográfica	Híbrido/Parte da Planta	Raça	
IV 44	251	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 44	252	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 32	254	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
II 3	256	Distrito Federal	DKB599	Nervura	ND
IV 35	257	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
III 16	258	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 45	259	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 28	261	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
IV 44	263	Distrito Federal	DKB599	Limbo	ND
II 6	281	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
III 12	282	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
III 11	283	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
II 7	286	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
III 11	287	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
IV 43	288	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
II 9	289	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
II 9	290	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
II 9	291	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
II 5	292	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
V 48	294	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
V 51	295	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
V 51	296	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
V 51	297	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
V 51	298	Mineiros, GO	BR310	Limbo	155.05
V 51	299	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND
IV 31	300	Mineiros, GO	BR310	Limbo	ND

¹O número romano representa o grupo ou subgrupo e o número cardinal representa o genótipo do isolado, no dendrograma de dissimilaridade genética.

²ND= não determinada.

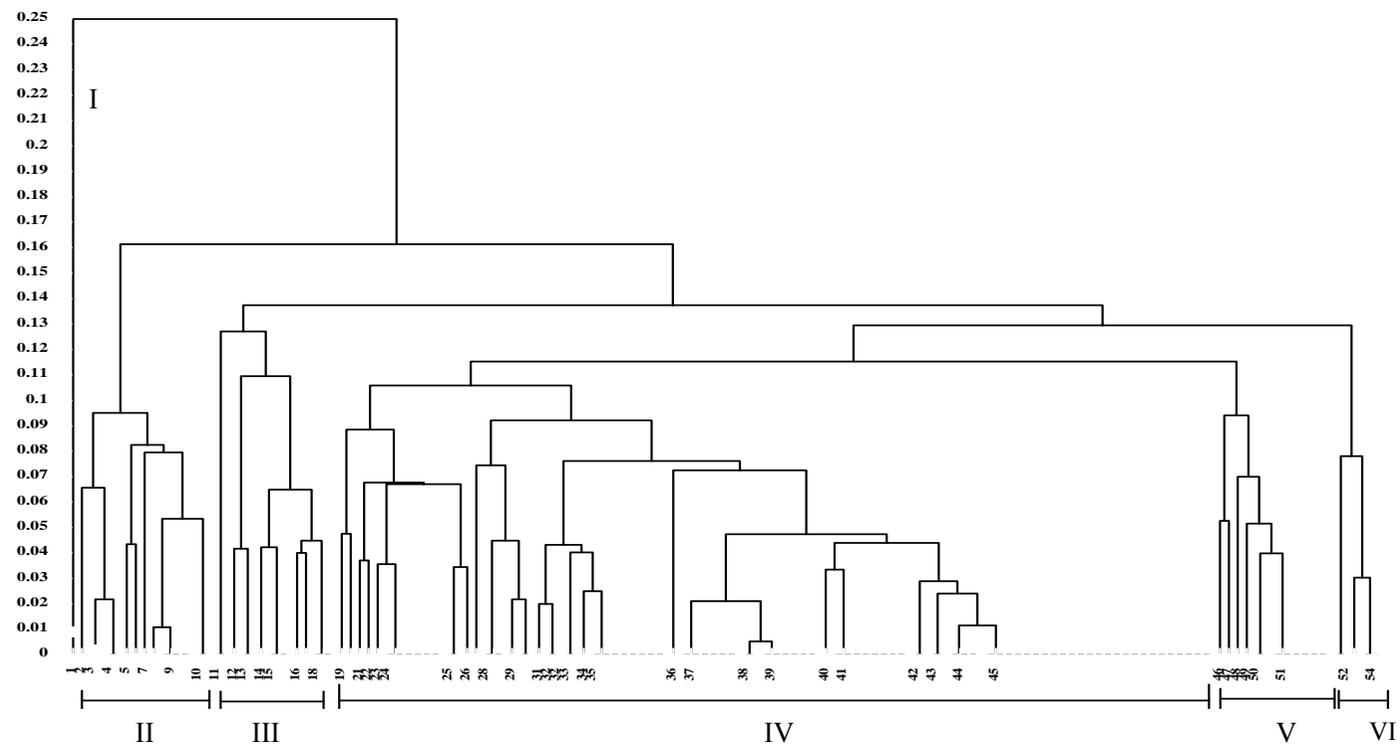


FIGURA 1 Dendrograma de dissimilaridade entre isolados de *Colletotrichum sublineolum*, baseado em polimorfismo molecular gerado por marcadores ISSR e na matriz de similaridade de Jaccard.

A ausência de reprodução sexuada em *C. sublineolum* implica na rápida dispersão de clones dentro de uma mesma população e ajuda a explicar o grande número de isolados geneticamente iguais. A ocorrência de parassexualidade em *C. sublineolum* foi evidenciada por Souza-Paccola et al. (2003) e genes ligados à característica *mating type* foram identificados por Zannett et al. (2009) e talvez expliquem a existência de isolados geneticamente diferentes, como o isolado 41, de Jardinópolis. 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 (1992) 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.

Não houve correlação entre a parte da planta na qual os isolados foram amostrados e as raças, porém, isolados amostrados na nervura central das folhas pertencem a um mesmo subgrupo genético. Os isolados 117, 120, 121, 123 e 132, amostrados em Goiânia, nos híbridos Ponta Negra, 735005, 735040, 735042 e 735040, respectivamente, pertencem ao subgrupo IV. Situação semelhante foi observada em Sete Lagoas, nos isolados 51, 54 e 58, que pertencem ao grupo II, sendo o primeiro amostrado no híbrido IF306 e os outros dois em IF305.

Os dois isolados de Patos de Minas, um amostrado no colmo e outro no limbo do híbrido BR310, pertencem aos subgrupos IV e V, respectivamente. Em Jardinópolis, isolados da nervura pertencem ao grupo II e aos subgrupos IV e V, porém, não se conhecem os híbridos nos quais as amostragens foram realizadas (Tabela 2, Figura 1). Esses resultados indicam a ocorrência de similaridade entre isolados obtidos na nervura central em cada local. A avaliação de um número

maior de isolados obtidos de diferentes partes da planta é necessária para que essa possibilidade seja confirmada.

Não houve associação entre a diversidade analisada por meio de virulência em plantas com os marcadores moleculares. No total, 121 raças, entre 158 isolados, foram identificadas por meio de análise de virulência no capítulo anterior, enquanto 54 genótipos, entre 147 isolados analisados, foram detectados por meio de marcadores ISSR. Ausência de relação entre virulência em plantas e marcadores também foi observada por Mathur et al. (2001) e Valério et al. (2005), em avaliação da diversidade em *C. sublineolum* por meio de marcadores RAPD. De acordo com os últimos autores, o polimorfismo do DNA de *C. sublineolum* parece ser independente da virulência. Uma explicação para este fato é que a região amplificada do patógeno pode não estar relacionada com alelos de avirulência, dado que os *primers* amplificam regiões ao acaso no genoma (Alzate-Marin et al., 1997). Devido à baixa associação entre virulência e marcadores moleculares, gerada, muitas vezes, pela existência de isolados diferentes que são identificados como uma mesma raça, e que podem apresentar seu genoma bastante distinto, a caracterização de genes de virulência/avirulência, usando linhagens ou cultivares diferenciadoras, pode ser útil (Wit, 1992; Mathur et al., 2001). Isso significa que a classificação de raças ainda é dependente da série diferencial utilizada e o número de diferenciadoras é que determina o nome e o número de raças identificadas.

Associação entre marcadores moleculares e virulência tem sido relatada em poucos patógenos, como *C. lindemuthianum* (Mesquita et al., 1998), *Laptosphaeria maculans* (Godwin & Annis, 1991; Koch et al., 1991), *Magnaporthe grisea* (Levy et al., 1991) e *Fusarium solani* f.sp. *cucurbitae* (Crowhurst et al., 1991). A busca por marcadores moleculares que relacionem genes de avirulência do patógeno a genes de resistência no hospedeiro é

necessária, à medida que a alta variabilidade do patógeno ainda não foi esclarecida por meio de marcadores moleculares.

A variabilidade genética é uma condição presente em patossistemas silvestres preservados e é aumentada em agroecossistemas. A alteração dos cultivos por meio do melhoramento, a ampliação de fronteiras agrícolas e o uso desmedido de defensivos sistêmicos são fatores que aumentam a força da seleção exercida sobre as populações de patógenos. Todos esses fatores favorecem novos genes de virulência e o polimorfismo na estrutura dessas populações (Araya, 2003). Além desses fatores, devem-se considerar também os plantios sucessivos com a mesma cultivar e o estreitamento da base genética como geradores de variabilidade. Exemplos mostram a importância do manejo influenciando a diversidade do patógeno.

A influência da rotação de culturas na diversidade de *Macrophomina phaseolina*, patógeno de várias culturas, entre as quais soja, milho e sorgo, permitiu identificar sistemas de rotação com grande efeito na diversidade genética do patógeno. As populações obtidas em cultivos nos quais a soja foi rotacionada com trigo apresentaram menor variabilidade genética (Almeida et al., 2008). Casela et al. (2004) avaliaram três genótipos de sorgo com diferentes níveis de resistência a *C. sublineolum* por meio da rotação de genes, tendo observado a predominância de raças simples em cada plantio, indicando que essa estratégia pode aumentar a estabilidade da resistência a esse patógeno. Estes trabalhos mostram que a utilização de estratégias de manejo da resistência que imponham limites à adaptação do patógeno e preservem os genes de resistência deve ser avaliada e implementada.

4 CONCLUSÕES

Marcadores ISSR são ferramentas úteis na caracterização da diversidade em *C. sublineolum*.

Especialização geográfica e adaptação ao hospedeiro de origem foi observada.

Não houve associação entre a diversidade analisada por virulência e os marcadores utilizados.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMEIDA, A.M.R.; SOSA-GOMEZ, D.R.; BINNECK, E.; MARIN, S.R.R.; ZUCCHI, M.I.; ABDELNOOR, R.V.; SOUTO, E.R. Effect of crop rotation on specialization and genetic diversity of *Macrophomina phaseolina*. **Tropical Plant Pathology**, Cambridge, v.33, n.4, p.257-264, Apr. 2008.
- ALZATE-MARIN, A.L.; MAIA, G.; FALEIRO, F.G.; CARVALHO, G.A.; MOREIRA, M.; BARROS, E.G. Análise da diversidade genética de raças de *Colletotrichum lindemuthianum* que ocorrem em algumas regiões do Brasil por marcadores RAPD. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.22, n.2, p.85-88, mar. 1997.
- ARAYA, C.M. Coevolución de interacciones hospedante-patógeno en frijol común. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.28, n.3, p.221-228, jun. 2003.
- BAYAKATAR, H.; DOLAR, F.S.; MADEN, S. Use of RAPD and ISSR markers in detection of genetic variation and population structure among *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* isolates on Chickpea in Turkey. **Journal Phytopathology**, Saint Paul, v.156, n.3, p.146-154, Mar. 2008.
- BOORA, K.S.; FREDERIKSEN, R.; MAGILL, C. DNA-based markers for a recessive gene conferring anthracnose resistance in sorghum. **Crop Science**, Madison, v.38, n.6, p.1708-1709, Nov. 1998.
- BROWN, J.K.M. Recombination and selection in population pathogens. **Plant Pathology**, Honolulu, v.44, n.2, p.279-293, Apr. 1995.
- CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKIYAMA, N.S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Ed.). **Marcadores moleculares**. 2.ed. Viçosa, MG: UFV, 2009. p.11-94, 532p.
- CARDWEL, K.F.; HEPPELRY, P.R.; FREDERIKISEN, R.A. Pathotypes of *Colletotrichum graminicola* and transmission of sorghum anthracnose. **Plant Disease**, Quebec, v.73, n.3, p.255-257, Mar. 1989.
- CASELA, C.R. **Investigations on the variability of the sorghum anthracnose fungus *Colletotrichum graminicola***. 1992. 166p. Thesis (Ph.D. in Phytopathology)-University of Texas, Austin.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; SANTOS, F.G. Rotação de genes no manejo da resistência genética a *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose do sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.29, p.S36, 2004. Suplemento.

CROWHURST, R.N.; HAWTHORNE, B.T.; RIKKERINK, E.H.A.; TEMPLETON, M.D. Differentiation of *Fusarium solani* f.sp. *cucurbitae* race 1 and 2 by random amplification of polymorphic DNA. **Current Genetics**, Oxford, v.20, n.5, p.391-396, Nov. 1991.

CRUZ, C.D. **Programa genes**: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2009. Software.

GOODWIN, P.H.; ANNIS, S.L. RAPD identification of genetic variation and pathotypes of *Leptosphaeria maculans* by random amplified polymorphic DNA assay. **Applied Environmental Microbiology**, Washington, v.57, n.9, p.2482-2486, Sept. 1991.

GUTHRIE, P.A.I.; MAGILL, C.W.; FREDERIKSEN, R.A.; ODVODY, G.N. Random amplified polymorphic DNA markers: a system for identifying and differentiating isolates of *Colletotrichum graminicola*. **Phytopathology**, Saint Paul, v.82, n.8, p.832-835, Aug. 1992.

HIPSKIND, J.D.; NICHOLSON, R.L.; GOLDSBROUGH, P.B. Isolation of a cDNA encoding a novel leucine-rich repeat motif from *Sorghum bicolor* inoculated with fungi. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, Saint Paul, v.9, n.9, p.819-825, Sept. 1996.

KOCH, E.; SONG, H.; OSBORN, T.C.; WILLIAMS, P.H. Relationship between pathogenicity and phylogen based on restriction fragment length polymorphism in *Leptosphaeria maculans*. **Molecular Plant-Microbe Interacts**, Saint Paul, v.4, n.1, p.341-349, Jan. 1991.

LEVY, M.; ROMAO, J.; MARCHETTI, M.A.; HAMER, J.E. DNA fingerprinting with a dispersed repeated sequence resolves pathotype diversity in the rice blast fungus. **Plant Cell**, Rockville, v.3, n.1, p.95-102, Jan. 1991.

LU, G.; CANNON, P.F.; REID, A.; SIMMONS, C.M. Diversity and molecular relationships of endophytic *Colletotrichum* isolates from the Iwokrama Forest Reserve, Guyana. **Mycological Research**, Cambridge, v.108, n.1, p.53-63, Jan. 2004.

MATHUR, K.; RAO, V.P.; THAKUR, R.P.; SIVARAMAKRISHNAN, S. RAPDs and virulence analysis for characterizing pathogenic variability in *Colletotrichum graminicola* isolates infecting sorghum. In: FRONTIERS IN FUNGAL BIOTECHNOLOGY AND PLANT PATHOGEN RELATIONS, 1., 2001, Manoharachary. **Proceedings...** Manoharachary: FAO, 2001. p.12-21.

MEHTA, P.J.; WILTSE, C.C.; ROONEY, W.L.; COLLINS, S.D.; FREDERIKSEN, R.A.; HESS, D.E.; CHISSID, M.; TEBEESTP, D.O. Classification and inheritance of genetic resistance to anthracnose in sorghum. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.93, n.1, p.1-9, July 2005.

MESQUITA, A.G.G.; PAULA JUNIOR, T.J.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Identification of races of *Colletotrichum lindemuthianum* with the aid of PCR-based molecular markers. **Plant Disease**, Quebec, v.82, n.10, p.1084-1087, Oct. 1998.

NICHOLSON, R.L.; MORAES, W.B.C. Survival of *Colletotrichum graminicola*: importance of the matrix. **Phytopathology**, Saint Paul, v.70, n.3, p.255-261, Mar. 1980.

PERUMAL, R.; MENZ, M.A.; MEHTA, P.J.; KATILÉ, L.A.; GUTIERREZ-ROJAS, R.R.; KLEIN, P.E.; PROM, L.K.; SCHLUETER, J.A.; ROONEY, W.L.; MAGILL, C.W. Molecular mapping of *Cg1*, a gene for resistance to anthracnose (*Colletotrichum sublineolum*) in sorghum. **Euphytica**, Wageningen, v.165, n.3, p.597-606, Feb. 2009.

REDDY, P.S.; FAKRUDIN, B.; RAJKUMAR, S.M.; PUNNURI, S.S.; ARUN, M.S.; KURUVINASHETTI, M.S.; DAS, I.K.; SEETHARAMA, N. Molecular mapping of genomic regions harboring QTLs for stalk rot resistance in sorghum. **Euphytica**, Wageningen, v.159, n.1/2, p.191-198, Jan. 2008.

ROSEWICH, L.U.; PETTWAY, R.E.; MCDONALD, B.A.; DUNCAN, R.R.; FREDERIKSEN, R.A. Genetic structure and temporal dynamics of a *Colletotrichum graminicola* population in a sorghum disease nursery. **Phytopathology**, Saint Paul, v.88, n.10, p.1087-1093, Oct. 1998.

SAGHAI-MAROOF, M.A.; SOLIMAN, K.M.; JORGENSEN, R.A.; ALLARD, R.W. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v.81, n.24, p.8014-8018, Dec. 1984.

SANTANA, F.M.; BIANCHI, V.J.; ROMBALDI, C.V.; GOMES, C.B.; ROSSETO, E.A. Marcadores moleculares na interação, diagnose e caracterização de fungos fitopatogênicos. **Revisão Anual de Patologia de Plantas**, Passo Fundo, v.14, n.1, p.383-403, maio 2006.

SINGH, M.; CHAUDHARY, K.; SINGAL, H.R.; MAGILL, C.W.; BOORA, K.S. Identification and characterization of RAPD and SCAR markers linked to anthracnose resistance gene in sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]. **Euphytica**, Wageningen, v.149, n.1/2, p.149-187, May 2006.

SOUZA-PACCOLA, E.A.; FÁVARO, L.C.L.; CASELA, C.R.; PACCOLA-MEIRELLES, D. Genetic recombination in *Colletotrichum sublineolum*. **Journal of Phytopathology**, Saint Paul, v.151, n.6, p.329-334, June 2003.

TAKATSUKA, J. Characterization of *Beauveria bassiana* isolates from Japan using inter-single-sequence-repeat-anchored polymerase chain reaction (ISSR-PCR) amplification. **Applied Entomology Zoology**, Tokyo, v.42, n.4, p.563-571, 2007.

VALÉRIO, H.M.; RESENDE, M.A.; WEIKERT-OLIVEIRA, R.C.B.; CASELA, C.R. Virulence and molecular diversity in *Colletotrichum graminicola* from Brazil. **Mycopathologia**, Netherlands, v.159, n.3, p.449-459, Apr. 2005.

WANG, M.L.; DEAN, R.; ERPELDING, J.; PEDERSON, G. Molecular genetic evaluation of sorghum germplasm differing in response to fungal diseases: rust (*Puccinia purpurea*) and anthracnose (*Collectotrichum graminicola*). **Euphytica**, Wageningen, v.148, n.1/2, p.319-330, Mar. 2006.

WANG, S.; MIAO, X.; ZHAO, W.; HUANG, B.; FAN, M.; LI, Z.; HUANG, Y. Genetic diversity and population structure among strains of the entomopathogenic fungus, *Beauveria bassiana*, as revealed by inter-simple sequence repeats (ISSR). **Mycological Research**, Cambridge, v.109, n.12, p.1364-1372, Dec. 2005.

WIT, P.J.G.M. de. Molecular characterization of gene-gene-gene systems in plant-fungus interactions and the applications of the avirulence genes in control of plant pathogens. **Annual Review Phytopathology**, Palo Alto, v.30, p.391-418, Sept. 1992.

ZANNETT, G.F.; NÓBREGA, G.A.; PACCOLA-MEIRELLES, L.D.
Morphogenetic characterization of *Colletotrichum sublineolum* strains, causal
agent of anthracnose of sorghum. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v.34,
n.3, p.146-151, Sept. 2009.

ZIETKIEWICZ, E.; RAFALSKI, A.; LABUDA, D. Genome fingerprinting by
simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction
amplification. **Genomics**, San Diego, v.20, n.2, p.176-183, Mar. 1994.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados deste trabalho possibilitaram observar que a identificação de híbridos com diferentes níveis de resistência a populações *C. sublineolum*, aliada ao conhecimento da estrutura de virulência e genética dessas populações, pode direcionar os programas de melhoramento para cada local, embora não se tenha observado relação entre a diversidade analisada por meio de virulência e os marcadores moleculares utilizados. Se a ligação entre genes de resistência e genes de avirulência for identificada e, havendo alta similaridade na população de determinado local, como a verificada em Pelotas, a introdução de genes de resistência correspondente ao de avirulência pode promover alta resistência a híbridos comerciais. Além disso, novas estratégias de manejo da resistência, que imponham limites à adaptação do patógeno, devem ser avaliadas, quando esse tipo de informação é disponibilizada.

Híbridos como Volumax, DAS740, 1G150 e 735005, por exemplo, podem ser avaliados em um sistema de rotação de genes com híbridos mais suscetíveis e que apresentem características agronômicas desejáveis. As empresas públicas e privadas devem atentar para o fato de que, além do lançamento de novos híbridos com uma base genética diversificada, é também necessário avaliar estratégias que aumentem a durabilidade dos genes de resistência. Essa é também uma forma de garantir que produtores tenham lucro com seu investimento, limitando o uso de defensivos. Todos podem ser beneficiados: as empresas por não perderem sua base genética e aumentar a credibilidade entre os produtores, os produtores por terem produtividade garantida e, finalmente, o consumidor, por comprar um produto ecologicamente mais recomendado.

ANEXOS

ANEXO A

TABELA 1A Resumo da análise de variância da AACPD de híbridos graníferos de sorgo, no ano 2008, em Sete Lagoas, MG.....	124
TABELA 2A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em híbridos forrageiros de sorgo, na safra 2007/2008, em Goiânia, GO.....	124
TABELA 3A Resumo da análise de variância da AACPD de híbridos forrageiros de sorgo, na safra de 2008, em Sete Lagoas, MG.....	124
TABELA 4A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze híbridos de sorgo, na safra de 2008/2009, em Goiânia, GO.....	125
TABELA 5A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze genótipos de sorgo, na safra 2008/2009, em Sete Lagoas, MG.....	126
TABELA 6A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze genótipos de sorgo na safra de inverno 2009 em Jardinópolis, SP.....	125
TABELA 7A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze genótipos de sorgo na safra de inverno de 2009 em Rio Verde, GO.....	126
TABELA 8A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze genótipos de sorgo na safra de inverno de 2009 em Sete Lagoas, MG.....	126
TABELA 9A Resumo da análise de variância da AACPD em quinze genótipos de sorgo na safra de verão 2008/2009, em Sete Lagoas, MG.....	126

TABELA 10A	Resumo da análise de variância da AACPD em quinze genótipos de sorgo na safra de inverno em 2009, em Sete Lagoas, MG.....	127
TABELA 11A	Reação de 15 genótipos de sorgo a <i>C. sublineolum</i> , em Campo Novo do Parecis.....	128
TABELA 12A	Reação de 15 genótipos de sorgo a <i>C. sublineolum</i> , em Goiânia, GO.....	129
TABELA 13A	Reação de 15 genótipos de sorgo a <i>C. sublineolum</i> , em Jardinópolis, SP.....	131
TABELA 14A	Reação de 15 genótipos de sorgo a <i>C. sublineolum</i> , em Patos de Minas, MG.....	133
TABELA 15A	Reação de 15 genótipos de sorgo a <i>C. sublineolum</i> , em Pelotas, RS.....	134
TABELA 16A	Reação de 15 genótipos de sorgo a <i>C. sublineolum</i> , em Sete Lagoas, MG.....	136
TABELA 17A	Reação de 15 genótipos de sorgo a <i>C. sublineolum</i> de diferentes locais.....	138
FIGURA 1A	Precipitação e temperaturas máximas, médias e mínimas diárias de dezembro de 2008 a maio de 2009 em Sete Lagoas, MG.....	139

TABELA 1A Resumo da análise de variância da AACPD de híbridos graníferos de sorgo no ano de 2008, em Sete Lagoas, MG.

FV	GL	OM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	5	0,088	14,910*	0,000
Bloco	2	0,004	0,678 n.s	0,530
Erro	10	0,006		
Total corrigido	17			
Média geral	0,172			
CV (%)	44,68			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arco-seno ($\sqrt{\text{severidade}/100}$).

TABELA 2A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em híbridos forrageiros de sorgo na safra 2007/2008, em Goiânia, GO.

FV	GL	OM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	19	0,318	24,785 *	0,000
Bloco	2	0,061	4,804 *	0,014
Erro	38	0,013		
Total corrigido	59			
Média geral	0,392			
CV (%)	28,85			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arco-seno ($\sqrt{\text{severidade}/100}$).

TABELA 3A Resumo da análise de variância da AACPD de híbridos forrageiros de sorgo na safra de 2008, em Sete Lagoas, MG.

FV	GL	QM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	19	0,062	14,535 *	0,000
Bloco	2	0,014	3,347 *	0,046
Erro	38	0,004		
Total corrigido	59			
Média geral	0,081			
CV (%)	80,05			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arco-seno ($\sqrt{\text{severidade}/100}$).

TABELA 4A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze híbridos de sorgo na safra 2008/2009, em Goiânia, GO.

FV	GL	OM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	14	0,507	51,640 *	0,000
Bloco	2	0,0136	1,386 n.s	0,267
Erro	28	0,010		
Total corrigido	44			
Média geral	0,602			
CV (%)	16,45			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arcoseno ($\sqrt{\text{severidade}/100}$).

TABELA 5A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze genótipos de sorgo na safra 2008/2009, em Sete Lagoas, MG.

FV	GL	OM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	14	0,525	73,997 *	0,000
Bloco	2	0,008	1,139 n.s	0,335
Erro	28	0,007		
Total corrigido	44			
Média geral	0,482			
CV (%)	17,48			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arcoseno ($\sqrt{\text{severidade}/100}$).

TABELA 6A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze genótipos de sorgo na safra de inverno 2009, em Jardinópolis, SP.

FV	GL	OM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	14	0,047	3,581 *	0,002
Bloco	2	0,025	1,892 n.s	0,170
Erro	28	0,013		
Total corrigido	44			
Média geral	0,130			
CV (%)	88,24			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arcoseno ($\sqrt{\text{severidade}/100}$).

TABELA 7A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze genótipos de sorgo na safra de inverno de 2009, em Rio Verde, GO.

FV	GL	QM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	14	0,650	55,707 *	0,000
Bloco	2	0,001	0,069 n.s	0,934
Erro	28	0,012		
Total corrigido	44			
Média geral	0,707			
CV (%)	15,28			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arcoseno ($\sqrt{\text{severidade}/100}$).

TABELA 8A Resumo da análise de variância da severidade da antracnose em quinze genótipos de sorgo na safra de inverno de 2009, em Sete Lagoas, MG.

FV	GL	QM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	14	0,539	47,470 *	0,000
Bloco	2	0,030	2,601 n.s	0,092
Erro	28	0,011		
Total corrigido	44	0,539		
Média geral	0,432			
CV (%)	24,65			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arcoseno ($\sqrt{\text{severidade}/100}$).

TABELA 9A Resumo da análise de variância da AACPD em quinze genótipos de sorgo na safra de verão 2008/2009, em Sete Lagoas, MG.

FV	GL	QM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	14	0,042	55,877 *	0,000
Bloco	2	0,001	1,184 n.s	0,321
Erro	28	0,001		
Total corrigido	44			
Média geral	0,105			
CV (%)	26,12			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arcoseno ($\sqrt{\text{AACPD}/100}$).

TABELA 10A Resumo da análise de variância da AACPD em quinze genótipos de sorgo na safra de inverno em 2009, em Sete Lagoas, MG.

FV	GL	OM	Fc	Pr>Fc
Genótipo	14	0,036	51,303 *	0,000
Bloco	2	0,000	0,271 n.s	0,765
Erro	28	0,001		
Total	44			
Média geral	0,082			
CV (%)	32,09			

* = significativo e ns = não significativo, a 5% de probabilidade, pelo teste Scott-Knott. Dados transformados em arcoseno ($\sqrt{\text{AACPD}/100}$).

TABELA 11A Reação de 15 genótipos de sorgo a *C. sublineolum*, em Campo Novo do Parecis, MT.

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos																	
	185	186	188	189	191	199	200	204	206	209	210	211	212	214	215	217	225	234
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
SC283	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Volumax	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
1F305	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	R
SHS500	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
735005	S	R	S	S	S	R	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R
P. Negra	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
DKB599	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	R	S	S	S
BR304	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	R	S
BR310	R	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S	R	S	R	R
BRS308	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	R
9920044	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	R	S	S	R	R	R	R	R
9920045	R	R	S	R	S	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R
1G150	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
DAS740	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R

¹R = Resistente e S = Suscetível.

TABELA 12A Reação de 15 genótipos de sorgo a *C. sublineolum*, Goiânia, GO.

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos										
	117	120	123	124	126	127	128	129	131	132	136
BR009	¹ S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
SC283	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S
Volumax	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
1F305	R	R	R	R	S	R	S	R	R	S	R
SHS500	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S
735005	S	R	R	R	S	R	S	R	S	S	R
P. Negra	S	S	S	R	S	R	S	R	S	R	S
DKB599	R	R	R	R	S	R	R	R	S	S	S
BR304	S	R	S	R	S	S	S	R	S	S	S
BR310	S	R	R	R	S	R	R	R	R	S	R
BRS308	R	R	R	R	S	R	R	R	R	S	R
9920044	R	R	S	S	R	R	S	R	S	S	R
9920045	S	R	S	R	R	R	S	R	R	S	S
1G150	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	S
DAS740	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R

¹R = Resistente e S = Suscetível.

TABELA 12A, Cont.”

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos										
	137	139	142	144	146	147	148	150	151	152	153
BR009	¹ S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
SC283	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Volumax	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
1F305	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R
SHS500	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S
735005	R	R	R	R	S	S	R	R	R	R	R
P. Negra	S	S	S	R	S	S	S	R	R	S	S
DKB599	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S
BR304	S	S	R	S	S	S	S	S	S	R	S
BR310	R	R	R	S	R	S	S	S	R	R	R
BRS308	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R
9920044	R	R	R	R	S	R	S	S	R	S	R
9920045	R	R	R	R	S	S	S	S	R	S	R
1G150	R	R	R	R	S	S	S	S	R	S	S
DAS740	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R

¹R = Resistente e S = Suscetível.

TABELA 13A Reação de 15 genótipos de sorgo a *C. sublineolum*, Jardinópolis, SP.

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos																			
	3	4	5	6	7	8	9	10	13	14	15	16	17	19	20	21	22	23	25	
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
SC283	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Volumax	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
1F305	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	S	S	R	R	S	R	S	S	R	R
SHS500	R	R	S	R	S	S	R	R	R	S	R	R	R	S	S	S	R	R	S	R
735005	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	S	S	S	S	R	R	R
P. Negra	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S
DKB599	S	S	S	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S
BR304	R	R	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	R
BR310	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
BRS308	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	S	R	R	S	R	S	S	R	R
9920044	R	S	R	R	S	S	R	S	R	R	S	S	R	S	R	S	R	R	R	R
9920045	R	R	S	R	S	R	R	S	R	R	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R
1G150	R	S	R	R	S	S	R	R	R	R	S	R	R	S	S	R	R	S	R	R
DAS740	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R

¹R = Resistente e S = Suscetível.

“...continua...”

“TABELA 13A, Cont.”

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos																		
	27	29	30	31	32	33	34	36	38	39	40	41	42	44	45	46	47	48	49
BR009	¹ S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
SC283	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Volumax	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
1F305	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S
SHS500	S	S	S	R	R	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S
735005	S	S	S	R	S	S	S	R	S	R	R	S	S	R	S	S	R	S	R
P. Negra	S	S	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	S	R	S	S	S	R
DKB599	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S
BR304	R	R	S	S	R	S	S	R	S	R	S	R	S	R	S	S	S	R	S
BR310	R	R	S	S	S	S	S	R	R	R	S	R	R	R	S	S	S	S	S
BRS308	R	S	S	R	S	S	S	R	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S
9920044	S	S	S	R	R	S	R	S	S	R	R	S	S	R	S	S	S	S	S
9920045	S	S	S	R	R	S	R	S	S	R	S	S	S	R	S	R	S	R	S
1G150	S	S	S	S	R	S	R	R	S	S	S	R	S	R	S	S	S	S	S
DAS740	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R

¹R = Resistente e S = Suscetível.

TABELA 14A Reação de 15 genótipos de sorgo a *C. sublineolum*, em Patos de Minas, MG.

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos						
	102	103	104	106	107	108	109
BR009	S	S	S	S	S	S	S
SC283	R	R	R	R	S	R	R
Volumax	R	R	R	R	S	R	R
1F305	R	R	R	R	R	S	S
SHS500	S	S	R	S	S	S	S
735005	R	R	R	R	S	S	S
P. Negra	R	R	R	S	S	S	R
DKB599	S	S	S	S	S	S	S
BR304	S	S	S	S	S	S	S
BR310	S	S	S	S	S	S	S
BRS308	R	R	R	R	S	R	S
9920044	S	S	R	R	S	S	S
9920045	S	R	R	R	S	S	R
1G150	R	S	R	R	S	R	R
DAS740	R	R	R	R	S	R	R

¹R = Resistente e S = Suscetível.

TABELA 15A Reação de 15 genótipos de sorgo a *C. sublineolum*, em Pelotas, RS.

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos											
	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165	166	167
BR009	¹ S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
SC283	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Volumax	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
1F305	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
SHS500	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S
735005	R	R	R	S	S	R	R	S	R	S	S	S
P. Negra	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
DKB599	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S
BR304	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S
BR310	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S
BRS308	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R
9920044	R	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S	S
9920045	R	S	S	S	R	R	R	S	S	S	S	S
1G150	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	R	R
DAS740	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R

¹R = Resistente e S = Suscetível.

“...continua...”

TABELA 15A, Cont.”

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos											
	168	169	170	171	173	174	175	177	179	181	182	183
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
SC283	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Volumax	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
1F305	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
SHS500	S	S	S	S	S	S	S	R	R	R	R	R
735005	S	S	R	R	R	S	R	S	S	R	R	R
P. Negra	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
DKB599	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR304	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S
BR310	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	S	R
BRS308	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
9920044	S	S	S	R	S	S	R	R	S	R	R	R
9920045	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R
1G150	R	R	S	R	R	R	R	S	R	R	R	R
DAS740	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R

¹R = Resistente e S = Suscetível. .

TABELA 16A Reação de 15 genótipos de sorgo a *C. sublineolum*, em Sete Lagoas, MG.

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos																						
	53	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
SC283	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	S	R	R	R	S	S	R	R	S	S
Volumax	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R
1F305	R	S	S	S	S	S	S	R	R	S	R	R	R	S	R	R	R	S	S	S	S	S	R
SHS500	S	S	R	R	R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
735005	R	S	R	R	R	R	S	S	S	S	S	R	S	R	S	R	S	S	S	S	S	R	S
P. Negra	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	R	S	S	S	R	S	S
DKB599	S	R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	R	R	S	S	R	R	S	S
BR304	S	S	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR310	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S
BRS308	R	S	S	R	R	S	R	R	S	R	R	R	R	S	R	R	R	S	S	R	S	S	S
9920044	S	S	R	S	R	S	S	R	S	S	S	S	R	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S
9920045	R	S	R	R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	S	S	R	S	S	S
1G150	S	S	R	R	R	S	S	R	S	S	R	S	R	S	R	S	R	R	S	S	S	S	S
DAS740	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	S

¹R = Resistente e S = Suscetível.

“...continua...”

“TABELA 16A, Cont.”

Genótipos	Isolados/Reação dos híbridos																					
	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	98	99
BR009	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
SC283	S	S	R	R	R	S	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Volumax	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
1F305	R	S	R	S	R	S	S	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S
SHS500	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
735005	S	S	R	S	S	S	S	R	R	R	R	R	S	S	R	S	R	R	S	R	S	S
P. Negra	R	R	S	S	R	R	S	S	R	R	R	R	S	R	R	S	S	R	R	S	S	S
DKB599	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	R	S	S	R	R	R	S	S	S	R	S	S
BR304	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
BR310	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S
BRS308	R	S	R	R	S	S	S	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	S	R
9920044	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
9920045	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	R	R	R	R	S	S	S	S
1G150	R	S	R	S	S	S	S	R	R	S	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	S	S
DAS740	R	R	R	S	R	S	S	S	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R

¹R = Resistente e S = Suscetível.

TABELA 17A Reação de 15 genótipos de sorgo a *C. sublineolum* de diferentes locais.

Genótipos	Isolados/ /Locais /Reação dos híbridos				
	Mineiros.GO	Primavera	Rio Verde.GO	Sete Lagoas.MG	
	285	288	213	² SC283	SC283
BR009	¹ S	S	S	S	S
SC283	R	S	R	S	S
Volumax	R	R	R	R	R
1F305	S	S	R	R	R
SHS500	S	S	S	R	R
735005	R	R	S	R	R
P. Negra	R	R	R	S	S
DKB599	S	S	S	S	S
BR304	S	S	R	R	R
BR310	S	R	R	R	R
BRS308	S	S	R	R	R
9920044	S	R	S	R	R
9920045	S	R	R	R	R
1G150	R	R	R	R	R
DAS740	R	R	R	R	R
² Racas	153.00	209.00	177.24	195.00	195.00

¹R = Resistente e S = Suscetível. ²SC283 são isolados amostrados do padrão de resistência com o mesmo nome, em Sete Lagoas, MG e Rio Verde, GO, em 2009

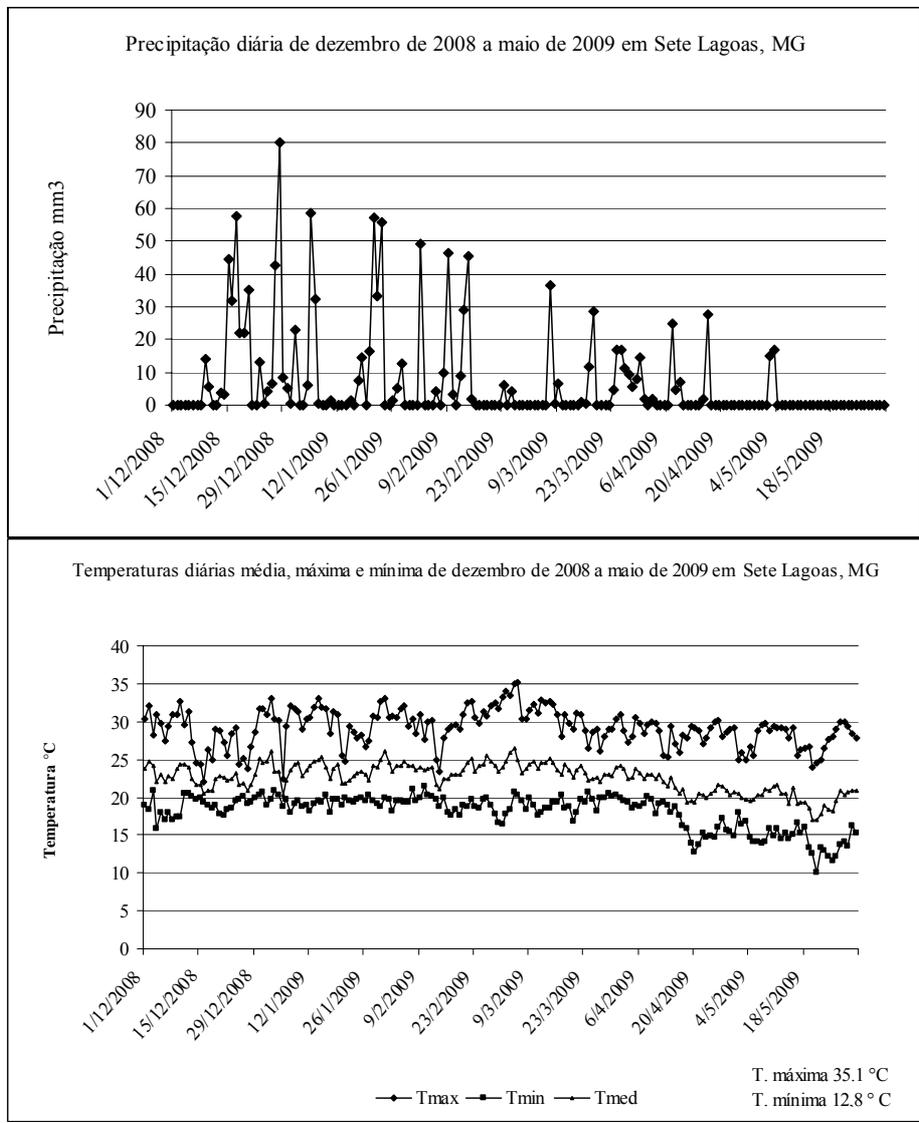


FIGURA 1A Precipitação e temperaturas máximas, médias e mínimas diárias de dezembro de 2008 a maio de 2009, em Sete Lagoas, MG.

ANEXO B

TABELA 1B Número observado (FO) e esperado (FE) de 20 isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).....	141
..	
TABELA 2B Número observado (FO) e esperado (FE) de 22 isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).....	145
TABELA 3B Número observado (FO) e esperado (FE) de 39 isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).....	148
TABELA 4B Número observado (FO) e esperado (FE) de 7 isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).....	152
TABELA 5B Número observado (FO) e esperado (FE) de 23 isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).....	156
TABELA 6B Número observado (FO) e esperado (FE) de 42 isolados de <i>C. sublineolum</i> com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).....	160

TABELA 1B Número observado (FO) e esperado (FE) de 20 isolados de *C. sublineolum* com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).

Campo Novo do Parecis, MT									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ^2 calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
BR009 x SC283	0	0.000	17	17.000	0	0.000	3	3.000	0.000
BR009 x Volumax	0	0.000	20	20.000	0	0.000	0	0.000	0.000
BR009 x 1F305	0	0.000	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0.000
BR009 x SHS500	0	0.000	1	1.000	0	0.000	19	19.000	0.000
BR009 x 735005	0	0.000	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0.000
BR009 x P. Negra	0	0.000	20	20.000	0	0.000	0	0.000	0.000
BR009 x DKB599	0	0.000	3	3.000	0	0.000	17	17.000	0.000
BR009 x BR304	0	0.000	3	3.000	0	0.000	17	17.000	0.000
BR009 x BR310	0	0.000	8	8.000	0	0.000	12	12.000	0.000
BR009 x BRS308	0	0.000	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0.000
BR009 x 9920044	0	0.000	8	8.000	0	0.000	12	12.000	0.000
BR009 x 9920045	0	0.000	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0.000
BR009 x 1G150	0	0.000	17	17.000	0	0.000	3	3.000	0.000
BR009 x DAS740	0	0.000	19	19.000	0	0.000	1	1.000	0.000
SC283 x Volumax	17	17.000	3	3.000	0	0.000	0	0.000	0.000
SC283 x 1F305	10	11.050	3	1.950	7	5.950	0	1.050	1.900
SC283 x SHS500	1	0.850	0	0.150	16	16.150	3	2.850	0.186
SC283 x 735005	11	11.050	2	1.950	6	5.950	1	1.050	0.004
SC283 x P. Negra	17	17.000	3	3.000	0	0.000	0	0.000	0.000
SC283 x DKB599	2	2.550	1	0.450	15	14.450	2	2.550	0.930
SC283 x BR304	3	2.550	0	0.450	14	14.450	3	2.550	0.623
SC283 x BR310	6	6.800	2	1.200	11	10.200	1	1.800	1.046
SC283 x BRS308	10	11.050	3	1.950	7	5.950	0	1.050	1.900
SC283 x 9920044	7	6.800	1	1.200	10	10.200	2	1.800	0.065
SC283 x 9920045	11	11.050	2	1.950	6	5.950	1	1.050	0.004
SC283 x 1G150	14	14.450	3	2.550	3	2.550	0	0.450	0.623
SC283 x DAS740	16	16.150	3	2.850	1	0.850	0	0.150	0.186

A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 1B, Cont.”

142

Campo Novo do Parecis, MT									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	EO	FE	EO	FE	EO	FE	EO	FE	
Volumax x 1F305	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0	0.000	0.000
Volumax x SHS500	1	1.000	0	0.000	19	19.000	0	0.000	0.000
Volumax x 735005	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0	0.000	0.000
Volumax x P. Negra	20	20.000	0	0.000	0	0.000	0	0.000	0.000
Volumax x DKB599	3	3.000	0	0.000	17	17.000	0	0.000	0.000
Volumax x BR304	3	3.000	0	0.000	17	17.000	0	0.000	0.000
Volumax x BR310	8	8.000	0	0.000	12	12.000	0	0.000	0.000
Volumax x BRS308	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0	0.000	0.000
Volumax x 9920044	8	8.000	0	0.000	12	12.000	0	0.000	0.000
Volumax x 9920045	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0	0.000	0.000
Volumax x 1G150	17	17.000	0	0.000	3	3.000	0	0.000	0.000
Volumax x DAS740	19	19.000	0	0.000	1	1.000	0	0.000	0.000
1F305 x SHS500	1	0.650	0	0.350	12	12.350	7	6.650	0.567
1F305 x 735005	7	8.450	6	4.550	6	4.550	1	2.450	2.031
1F305 x P. Negra	13	13.000	7	7.000	0	0.000	0	0.000	0.000
1F305 x DKB599	2	1.950	1	1.050	11	11.050	6	5.950	0.004
1F305 x BR304	1	1.950	2	1.050	12	11.050	5	5.950	1.556
1F305 x BR310	5	5.200	3	2.800	8	7.800	4	4.200	0.037
1F305 x BRS308	13	8.450	0	4.550	0	4.550	7	2.450	20.000**
1F305 x 9920044	3	5.200	5	2.800	10	7.800	2	4.200	4.432
1F305 x 9920045	8	8.450	5	4.550	5	4.550	2	2.450	0.196
1F305 x 1G150	10	11.050	7	5.950	3	1.950	0	1.050	1.900
1F305 x DAS740	13	12.350	6	6.650	0	0.650	1	0.350	1.955

¹A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 1B, Cont.”

Campo Novo do Parecis, MT									
Combinções entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
SHS500 x 735005	1	0.650	12	12.350	0	0.350	7	6.650	0.567
SHS500 x P. Negra	1	0.050	0	0.950	0	0.950	19	18.050	20.000**
SHS500 x DKB599	0	0.150	3	2.850	1	0.850	16	16.150	0.186
SHS500 x BR304	0	0.150	3	2.850	1	0.850	16	16.150	0.186
SHS500 x BR310	1	0.400	7	7.600	0	0.600	12	11.400	1.579
SHS500 x BRS308	1	0.650	12	12.350	0	0.350	7	6.650	0.567
SHS500 x 9920044	1	0.400	7	7.600	0	0.600	12	11.400	1.579
SHS500 x 9920045	1	0.650	12	12.350	0	0.350	7	6.650	0.567
SHS500 x 1G150	1	0.850	16	16.150	0	0.150	3	2.850	0.186
SHS500 x DAS740	1	0.950	18	18.050	0	0.050	1	0.950	0.055
735005 x P. Negra	13	13.000	7	7.000	0	0.000	0	0.000	0.000
735005 x DKB599	3	1.950	0	1.050	10	11.050	7	5.950	1.900
735005 x BR304	3	1.950	0	1.050	10	11.050	7	5.950	1.900
735005 x BR310	8	5.200	0	2.800	5	7.800	7	4.200	7.179
735005 x BRS308	13	8.450	0	4.550	0	4.550	7	2.450	20.000**
735005 x 9920044	8	5.200	0	2.800	5	7.800	7	4.200	7.179
735005 x 9920045	13	8.450	0	4.550	0	4.550	7	2.450	20.000**
735005 x 1G150	13	11.050	4	5.950	0	1.950	3	1.050	6.555
735005 x DAS740	13	12.350	6	6.650	0	0.650	1	0.350	1.955
P. Negra x DKB599	3	3.000	0	0.000	17	17.000	0	0.000	0.000
P. Negra x BR304	3	3.000	0	0.000	17	17.000	0	0.000	0.000
P. Negra x BR310	8	8.000	0	0.000	12	12.000	0	0.000	0.000
P. Negra x BRS308	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0	0.000	0.000
P. Negra x 9920044	8	8.000	0	0.000	12	12.000	0	0.000	0.000
P. Negra x 9920045	13	13.000	0	0.000	7	7.000	0	0.000	0.000
P. Negra x 1G150	17	17.000	0	0.000	3	3.000	0	0.000	0.000
P. Negra x DAS740	19	19.000	0	0.000	1	1.000	0	0.000	0.000

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05) “...continua...”

“TABELA 1B, Cont.”

Campo Novo do Parecis, MT									
Combinções entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
DKB599 x BR304	1	0.450	2	2.550	2	2.550	15	14.450	0.930
DKB599 x BR310	2	1.200	6	6.800	1	1.800	11	10.200	1.046
DKB599 x BRS308	2	1.950	11	11.050	1	1.050	6	5.950	0.004
DKB599 x 9920044	2	1.200	6	6.800	1	1.800	11	10.200	1.046
DKB599 x 9920045	3	1.950	10	11.050	0	1.050	7	5.950	1.900
DKB599 x 1G150	3	2.550	14	14.450	0	0.450	3	2.550	0.623
DKB599 x DAS740	3	2.850	16	16.150	0	0.150	1	0.850	0.186
BR304 x BR310	3	1.200	5	6.800	0	1.800	12	10.200	5.294
BR304 x BRS308	3	1.950	10	11.050	0	1.050	7	5.950	1.900
BR304 x 9920044	3	1.200	5	6.800	0	1.800	12	10.200	5.294
BR304 x 9920045	3	1.950	10	11.050	0	1.050	7	5.950	1.900
BR304 x 1G150	3	2.550	14	14.450	0	0.450	3	2.550	0.623
BR304 x DAS740	3	2.850	16	16.150	0	0.150	1	0.850	0.186
BR310 x BRS308	8	5.200	5	7.800	0	2.800	7	4.200	7.179
BR310 x 9920044	8	3.200	0	4.800	0	4.800	12	7.200	20,000**
BR310 x 9920045	8	5.200	5	7.800	0	2.800	7	4.200	7.179
BR310 x 1G150	8	6.800	9	10.200	0	1.200	3	1.800	2.353
BR310 x DAS740	8	7.600	11	11.400	0	0.400	1	0.600	0.702
BRS308 x 9920044	3	5.200	5	2.800	10	7.800	2	4.200	4.432
BRS308 x 9920045	8	8.450	5	4.550	5	4.550	2	2.450	0.196
BRS308 x 1G150	10	11.050	7	5.950	3	1.950	0	1.050	1.900
BRS308 x DAS740	13	12.350	6	6.650	0	0.650	1	0.350	1.955
9920044 x 9920045	6	5.200	7	7.800	2	2.800	5	4.200	0.586
9920044 x 1G150	8	6.800	9	10.200	0	1.200	3	1.800	2.353
9920044 x DAS740	8	7.600	11	11.400	0	0.400	1	0.600	0.702
9920045 x 1G150	11	11.050	6	5.950	2	1.950	1	1.050	0.004
9920045 x DAS740	12	12.350	7	6.650	1	0.650	0	0.350	0.567
1G150 x DAS740	16	16.150	3	2.850	1	0.850	0	0.150	0.186

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05).

TABELA 2B Número observado (FO) e esperado (FE) de 22 isolados de *C. sublineolum* com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).

Goiânia, GO									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ^2 calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
BR009 x SC283	0	0.000	20	20.000	0	0.000	2	2.000	0.000
BR009 x Volumax	0	0.000	22	22.000	0	0.000	0	0.000	0.000
BR009 x 1F305	0	0.000	17	17.000	0	0.000	5	5.000	0.000
BR009 x SHS500	0	0.000	4	4.000	0	0.000	18	18.000	0.000
BR009 x 735005	0	0.000	14	14.000	0	0.000	8	8.000	0.000
BR009 x P. Negra	0	0.000	8	8.000	0	0.000	14	14.000	0.000
BR009 x DKB599	0	0.000	9	9.000	0	0.000	13	13.000	0.000
BR009 x BR304	0	0.000	5	5.000	0	0.000	17	17.000	0.000
BR009 x BR310	0	0.000	14	14.000	0	0.000	8	8.000	0.000
BR009 x BRS308	0	0.000	18	18.000	0	0.000	4	4.000	0.000
BR009 x 9920044	0	0.000	12	12.000	0	0.000	10	10.000	0.000
BR009 x 9920045	0	0.000	12	12.000	0	0.000	10	10.000	0.000
BR009 x 1G150	0	0.000	15	15.000	0	0.000	7	7.000	0.000
BR009 x DAS740	0	0.000	22	22.000	0	0.000	0	0.000	0.000
SC283 x Volumax	20	20.000	2	2.000	0	0.000	0	0.000	0.000
SC283 x 1F305	15	15.455	2	1.545	5	4.545	0	0.455	0.647
SC283 x SHS500	3	3.636	1	0.364	17	16.364	1	1.636	1.497
SC283 x 735005	12	12.727	2	1.273	8	7.273	0	0.727	1.257
SC283 x P. Negra	8	7.273	0	0.727	12	12.727	2	1.273	1.257
SC283 x DKB599	9	8.182	0	0.818	11	11.818	2	1.182	1.523
SC283 x BR304	5	4.545	0	0.455	15	15.455	2	1.545	0.647
SC283 x BR310	12	12.727	2	1.273	8	7.273	0	0.727	1.257
SC283 x BRS308	16	16.364	2	1.636	4	3.636	0	0.364	0.489
SC283 x 9920044	10	10.909	2	1.091	10	9.091	0	0.909	1.833
SC283 x 9920045	11	10.909	1	1.091	9	9.091	1	0.909	0.018
SC283 x 1G150	14	13.636	1	1.364	6	6.364	1	0.636	0.335
SC283 x DAS740	20	20.000	2	2.000	0	0.000	0	0.000	0.000

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P<0,05). ...continua...

“TABELA 2B, Cont.”

Goiânia GO									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
Volumax x 1F305	17	17.000	0	0.000	5	5.000	0	0.000	0.000
Volumax x SHS500	4	4.000	0	0.000	18	18.000	0	0.000	0.000
Volumax x 735005	14	14.000	0	0.000	8	8.000	0	0.000	0.000
Volumax x P. Negra	8	8.000	0	0.000	14	14.000	0	0.000	0.000
Volumax x DKB599	9	9.000	0	0.000	13	13.000	0	0.000	0.000
Volumax x BR304	5	5.000	0	0.000	17	17.000	0	0.000	0.000
Volumax x BR310	14	14.000	0	0.000	8	8.000	0	0.000	0.000
Volumax x BRS308	18	18.000	0	0.000	4	4.000	0	0.000	0.000
Volumax x 9920044	12	12.000	0	0.000	10	10.000	0	0.000	0.000
Volumax x 9920045	12	12.000	0	0.000	10	10.000	0	0.000	0.000
Volumax x 1G150	15	15.000	0	0.000	7	7.000	0	0.000	0.000
Volumax x DAS740	22	22.000	0	0.000	0	0.000	0	0.000	0.000
1F305 x SHS500	4	3.091	0	0.909	13	13.909	5	4.091	1.438
1F305 x 735005	13	10.818	1	3.182	4	6.182	4	1.818	5.324
1F305 x P. Negra	5	6.182	3	1.818	12	10.818	2	3.182	1.562
1F305 x DKB599	8	6.955	1	2.045	9	10.045	4	2.955	1.170
1F305 x BR304	5	3.864	0	1.136	12	13.136	5	3.864	1.903
1F305 x BR310	13	10.818	1	3.182	4	6.182	4	1.818	5.324
1F305 x BRS308	17	13.909	1	4.091	0	3.091	4	0.909	16.622**
1F305 x 9920044	10	9.273	2	2.727	7	7.727	3	2.273	0.552
1F305 x 9920045	9	9.273	3	2.727	8	7.727	2	2.273	0.078
1F305 x 1G150	10	11.591	5	3.409	7	5.409	0	1.591	3.020
1F305 x DAS740	17	17.000	5	5.000	0	0.000	0	0.000	0.000

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 2B, Cont.”

Goiânia,GO									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
SHS500 x P. Negra	3	1.455	5	6.545	1	2.545	13	11.455	3.154
SHS500 x DKB599	3	1.636	6	7.364	1	2.364	12	10.636	2.350
SHS500 x BR304	3	0.909	2	4.091	1	3.091	16	13.909	7.607
SHS500 x BR310	4	2.545	10	11.455	0	1.455	8	6.545	2.794
SHS500 x BRS308	4	3.273	14	14.727	0	0.727	4	3.273	1.086
SHS500 x 9920044	4	2.182	8	9.818	0	1.818	10	8.182	4.074
SHS500 x 9920045	4	2.182	8	9.818	0	1.818	10	8.182	4.074
SHS500 x 1G150	4	2.727	11	12.273	0	1.273	7	5.727	2.281
SHS500 x DAS740	4	4.000	18	18.000	0	0.000	0	0.000	0.000
735005 x P. Negra	8	5.091	0	2.909	6	8.909	8	5.091	7.184
735005 x DKB599	9	5.727	0	3.273	5	8.273	8	4.727	8.703**
735005 x BR304	14	8.909	0	5.091	0	5.091	8	2.909	22.000**
735005 x BR310	14	11.455	4	6.545	0	2.545	4	1.455	8.556**
735005 x BRS308	12	7.636	0	4.364	2	6.364	8	3.636	15.086**
735005 x 9920044	12	7.636	0	4.364	2	6.364	8	3.636	15.086**
735005 x 9920045	12	7.636	0	4.364	2	6.364	8	3.636	15.086**
735005 x 1G150	14	9.545	1	5.455	0	4.455	7	2.545	17.967**
735005 x DAS740	14	14.000	8	8.000	0	0.000	0	0.000	0.000
P. Negra x DKB599	8	3.273	1	5.727	0	4.727	13	8.273	18.159**
P. Negra x BR304	5	1.818	0	3.182	3	6.182	14	10.818	11.324**
P. Negra x BR310	8	5.091	6	8.909	0	2.909	8	5.091	7.184
P. Negra x BRS308	8	6.545	10	11.455	0	1.455	4	2.545	2.794
P. Negra x 9920044	8	4.364	4	7.636	0	3.636	10	6.364	10.476**
P. Negra x 9920045	8	4.364	4	7.636	0	3.636	10	6.364	10.476**
P. Negra x 1G150	8	5.455	7	9.545	0	2.545	7	4.455	5.867
P. Negra x DAS740	8	8.000	14	14.000	0	0.000	0	0.000	0.000

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05).

TABELA 3B Número observado (FO) e esperado (FE) de 39 isolados de *C. sublineolum* com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseado-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).

Combinações entre híbridos	Jardinópolis. SP								χ^2 calculado
	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
BR009 x SC283	0	0,000	38	38,000	0	0,000	1	1,000	0,000
BR009 x Volumax	0	0,000	39	39,000	0	0,000	0	0,000	0,000
BR009 x 1F305	0	0,000	17	17,000	0	0,000	22	22,000	0,000
BR009 x SHS500	0	0,000	14	14,000	0	0,000	25	25,000	0,000
BR009 x 735005	0	0,000	22	22,000	0	0,000	17	17,000	0,000
BR009 x P. Negra	0	0,000	30	30,000	0	0,000	9	9,000	0,000
BR009 x DKB599	0	0,000	11	11,000	0	0,000	28	28,000	0,000
BR009 x BR304	0	0,000	21	21,000	0	0,000	18	18,000	0,000
BR009 x BR310	0	0,000	28	28,000	0	0,000	11	11,000	0,000
BR009 x BRS308	0	0,000	19	19,000	0	0,000	20	20,000	0,000
BR009 x 9920044	0	0,000	17	17,000	0	0,000	22	22,000	0,000
BR009 x 9920045	0	0,000	21	21,000	0	0,000	18	18,000	0,000
BR009 x 1G150	0	0,000	22	22,000	0	0,000	17	17,000	0,000
BR009 x DAS740	0	0,000	39	39,000	0	0,000	0	0,000	0,000
SC283 x Volumax	38	38,000	1	1,000	0	0,000	0	0,000	0,000
SC283 x 1F305	16	16,564	1	0,436	22	21,436	0	0,564	1,328
SC283 x SHS500	13	13,641	1	0,359	25	24,359	0	0,641	1,833
SC283 x 735005	21	21,436	1	0,564	17	16,564	0	0,436	0,793
SC283 x P. Negra	29	29,231	1	0,769	9	8,769	0	0,231	0,308
SC283 x DKB599	10	10,718	1	0,282	28	27,282	0	0,718	2,612
SC283 x BR304	20	20,462	1	0,538	18	17,538	0	0,462	0,880
SC283 x BR310	27	27,282	1	0,718	11	10,718	0	0,282	0,403
SC283 x BRS308	18	18,513	1	0,487	20	19,487	0	0,513	1,080
SC283 x 9920044	16	16,564	1	0,436	22	21,436	0	0,564	1,328
SC283 x 9920045	20	20,462	1	0,538	18	17,538	0	0,462	0,880
SC283 x 1G150	21	21,436	1	0,564	17	16,564	0	0,436	0,793
SC283 x DAS740	38	38,000	1	1,000	0	0,000	0	0,000	0,000

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 3B, Cont.”

Jardinópolis, SP									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
Volumax x 1F305	17	17.000	0	0.000	22	22.000	0	0.000	0.000
Volumax x SHS500	14	14.000	0	0.000	25	25.000	0	0.000	0.000
Volumax x 735005	22	22.000	0	0.000	17	17.000	0	0.000	0.000
Volumax x P. Negra	30	30.000	0	0.000	9	9.000	0	0.000	0.000
Volumax x DKB599	11	11.000	0	0.000	28	28.000	0	0.000	0.000
Volumax x BR304	21	21.000	0	0.000	18	18.000	0	0.000	0.000
Volumax x BR310	28	28.000	0	0.000	11	11.000	0	0.000	0.000
Volumax x BRS308	19	19.000	0	0.000	20	20.000	0	0.000	0.000
Volumax x 9920044	17	17.000	0	0.000	22	22.000	0	0.000	0.000
Volumax x 9920045	21	21.000	0	0.000	18	18.000	0	0.000	0.000
Volumax x 1G150	22	22.000	0	0.000	17	17.000	0	0.000	0.000
Volumax x DAS740	39	39.000	0	0.000	0	0.000	0	0.000	0.000
1F305 x SHS500	7	6.103	7	7.897	10	10.897	15	14.103	0.365
1F305 x 735005	11	9.590	11	12.410	6	7.410	11	9.590	0.843
1F305 x P. Negra	14	13.077	16	16.923	3	3.923	6	5.077	0.501
1F305 x DKB599	7	4.795	4	6.205	10	12.205	18	15.795	2.504
1F305 x BR304	13	9.154	8	11.846	4	7.846	14	10.154	6.207
1F305 x BR310	16	12.205	12	15.795	1	4.795	10	6.205	7.416
1F305 x BRS308	16	8.282	3	10.718	1	8.718	19	11.282	24.862**
1F305 x 9920044	10	7.410	7	9.590	7	9.590	15	12.410	2.844
1F305 x 9920045	10	9.154	11	11.846	7	7.846	11	10.154	0.300
1F305 x 1G150	12	9.590	10	12.410	5	7.410	12	9.590	2.464
1F305 x DAS740	17	17.000	22	22.000	0	0.000	0	0.000	0.000

149

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 3B, Cont.”

150

Jardinópolis, SP									
Combinações entre híbridos	A.A ₂		V.A ₂		A.V ₂		V.V ₂		χ ² calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
SHS500 x 735005	14	7.897	8	14.103	0	6.103	17	10.897	16.876**
SHS500 x P. Negra	14	10.769	16	19.231	0	3.231	9	5.769	6.552
SHS500 x DKB599	6	3.949	5	7.051	8	10.051	20	17.949	2.315
SHS500 x BR304	10	7.538	11	13.462	4	6.462	14	11.538	2.717
SHS500 x BR310	11	10.051	17	17.949	3	3.949	8	7.051	0.495
SHS500 x BRS308	9	6.821	10	12.179	5	7.179	15	12.821	2.119
SHS500 x 9920044	10	6.103	7	10.897	4	7.897	18	14.103	6.884
SHS500 x 9920045	13	7.538	8	13.462	1	6.462	17	11.538	13.374**
SHS500 x 1G150	13	7.897	9	14.103	1	6.103	16	10.897	11.799**
SHS500 x DAS740	14	14.000	25	25.000	0	0.000	0	0.000	0.000
735005 x P. Negra	22	16.923	8	13.077	0	5.077	9	3.923	15.141**
735005 x DKB599	6	3.949	5	7.051	8	10.051	20	17.949	2.315
735005 x BR304	10	7.538	11	13.462	4	6.462	14	11.538	2.717
735005 x BR310	11	10.051	17	17.949	3	3.949	8	7.051	0.495
735005 x BRS308	9	6.821	10	12.179	5	7.179	15	12.821	2.119
735005 x 9920044	10	6.103	7	10.897	4	7.897	18	14.103	6.884
735005 x 9920045	13	7.538	8	13.462	1	6.462	17	11.538	13.374**
735005 x 1G150	13	7.897	9	14.103	1	6.103	16	10.897	11.799**
735005 x DAS740	14	14.000	25	25.000	0	0.000	0	0.000	0.000
P. Negra x DKB599	11	8.462	0	2.538	19	21.538	9	6.462	4.596
P. Negra x BR304	21	16.154	0	4.846	9	13.846	9	4.154	13.650**
P. Negra x BR310	28	21.538	0	6.462	2	8.462	9	2.538	29.782**
P. Negra x BRS308	19	14.615	0	4.385	11	15.385	9	4.615	11.115**
P. Negra x 9920044	17	13.077	0	3.923	13	16.923	9	5.077	9.041**
P. Negra x 9920045	21	16.154	0	4.846	9	13.846	9	4.154	13.650**
P. Negra x 1G150	22	16.923	0	5.077	8	13.077	9	3.923	15.141**
P. Negra x DAS740	30	30.000	9	9.000	0	0.000	0	0.000	0.000

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 3B, Cont.”

Jardinópolis, SP									
Combinções entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
DKB599 x BR304	9	5.923	12	15.077	2	5.077	16	12.923	4.824
DKB599 x BR310	9	7.897	19	20.103	2	3.103	9	7.897	0.760
DKB599 x BRS308	9	5.359	10	13.641	2	5.641	18	14.359	6.719
DKB599 x 9920044	5	4.795	12	12.205	6	6.205	16	15.795	0.022
DKB599 x 9920045	8	5.923	13	15.077	3	5.077	15	12.923	2.198
DKB599 x 1G150	9	6.205	13	15.795	2	4.795	15	12.205	4.022
DKB599 x DAS740	11	11.000	28	28.000	0	0.000	0	0.000	0.000
BR304 x BR310	21	15.077	7	12.923	0	5.923	11	5.077	17.875**
BR304 x BRS308	19	10.231	0	8.769	2	10.769	18	9.231	31.757**
BR304 x 9920044	17	9.154	0	7.846	4	11.846	18	10.154	25.831**
BR304 x 9920045	21	11.308	0	9.692	0	9.692	18	8.308	39.000**
BR304 x 1G150	21	11.846	1	10.154	0	9.154	17	7.846	35.159**
BR304 x DAS740	21	21.000	18	18.000	0	0.000	0	0.000	0.000
BR310 x BRS308	19	13.641	0	5.359	9	14.359	11	5.641	14.555**
BR310 x 9920044	17	12.205	0	4.795	11	15.795	11	6.205	11.839**
BR310 x 9920045	21	15.077	0	5.923	7	12.923	11	5.077	17.875**
BR310 x 1G150	22	15.795	0	6.205	6	12.205	11	4.795	19.828**
BR310 x DAS740	28	28.000	11	11.000	0	0.000	0	0.000	0.000
BRS308 x 9920044	10	8.282	7	8.718	9	10.718	13	11.282	1.232
BRS308 x 9920045	11	10.231	10	10.769	8	8.769	10	9.231	0.244
BRS308 x 1G150	14	10.718	8	11.282	5	8.282	12	8.718	4.496
BRS308 x DAS740	19	19.000	20	20.000	0	0.000	0	0.000	0.000
9920044 x 9920045	15	9.154	6	11.846	2	7.846	16	10.154	14.341**
9920044 x 1G150	15	9.590	7	12.410	2	7.410	15	9.590	12.413**
9920044 x DAS740	17	17.000	22	22.000	0	0.000	0	0.000	0.000
9920045 x 1G150	16	11.846	6	10.154	5	9.154	12	7.846	7.240
9920045 x DAS740	21	21.000	18	18.000	0	0.000	0	0.000	0.000
1G150 x DAS740	22	22.000	17	17.000	0	0.000	0	0.000	0.000

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05).

TABELA 4B Número observado (FO) e esperado (FE) de 7 isolados de *C. sublineolum* com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).

Patos de Minas, MG									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ^2 calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
BR009 x SC83	0	0,000	6	6,000	0	0,000	1	1,000	0,000
BR009 x Volumax	0	0,000	6	6,000	0	0,000	1	1,000	0,000
BR009 x 1F305	0	0,000	6	6,000	0	0,000	1	1,000	0,000
BR009 x SHS500	0	0,000	0	0,000	0	0,000	7	7,000	0,000
BR009 x 735005	0	0,000	5	5,000	0	0,000	2	2,000	0,000
BR009 x P. Negra	0	0,000	4	4,000	0	0,000	3	3,000	0,000
BR009 x DKB599	0	0,000	2	2,000	0	0,000	5	5,000	0,000
BR009 x BR304	0	0,000	0	0,000	0	0,000	7	7,000	0,000
BR009 x BR310	0	0,000	0	0,000	0	0,000	7	7,000	0,000
BR009 x BRS308	0	0,000	6	6,000	0	0,000	1	1,000	0,000
BR009 x 9920044	0	0,000	3	3,000	0	0,000	4	4,000	0,000
BR009 x 9920045	0	0,000	4	4,000	0	0,000	3	3,000	0,000
BR009 x 1G150	0	0,000	6	6,000	0	0,000	1	1,000	0,000
BR009 x DAS740	0	0,000	6	6,000	0	0,000	1	1,000	0,000
SC283 x Volumax	6	5,143	0	0,857	0	0,857	1	0,143	7,000
SC283 x 1F305	4	4,286	1	0,714	2	1,714	0	0,286	0,467
SC283 x SHS500	1	0,857	0	0,142	5	5,143	1	0,857	0,194
SC283 x 735005	4	3,429	0	0,571	2	2,571	1	0,429	1,556
SC283 x P. Negra	4	3,429	0	0,571	2	2,571	1	0,429	0,889
SC283 x DKB599	0	0,000	0	0,000	6	6,000	1	1,000	0,000
SC283 x BR304	0	0,000	0	0,000	6	6,000	1	1,000	0,000
SC283 x BR310	0	0,000	0	0,000	6	6,000	1	1,000	0,000
SC283 x BRS308	4	4,286	1	0,714	2	1,714	0	0,286	0,467
SC283 x 9920044	2	1,714	0	0,2856	4	4,286	1	0,714	0,467
SC283 x 9920045	4	3,429	0	0,571	2	2,571	1	0,429	1,556
SC283 x 1G150	5	4,286	0	0,714	1	1,714	1	0,286	2,917
SC283 x DAS740	6	5,143	0	0,857	0	0,857	1	0,143	7,000

¹A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 4B, Cont.”

Patos de Minas, MG									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	FO	EE	FO	EE	FO	EE	FO	EE	
Volumax x 1F305	4	4,286	1	0,714	2	1,714	0	0,286	0,467
Volumax x SHS500	1	0,857	0	0,143	5	5,143	1	0,857	0,194
Volumax x 735005	4	3,429	0	0,571	2	2,571	1	0,429	0,889
Volumax x P. Negra	4	3,429	0	0,571	2	2,571	1	0,429	1,556
Volumax x DKB599	0	0,000	0	0,000	6	6,000	1	1,000	0,000
Volumax x BR304	0	0,000	0	0,000	6	6,000	1	1,000	0,000
Volumax x BR310	0	0,000	0	0,000	6	6,000	1	1,000	0,000
Volumax x BRS308	4	4,286	1	0,714	2	1,714	0	0,286	0,467
Volumax x 9920044	2	1,714	0	0,286	4	4,286	1	0,714	0,467
Volumax x 9920045	4	3,429	0	0,571	2	2,571	1	0,429	1,556
Volumax x 1G150	5	4,286	0	0,714	1	1,714	1	0,286	2,917
Volumax x DAS740	6	5,143	0	0,857	0	0,857	1	0,143	7,000
1F305 x SHS500	1	0,714	0	0,286	4	4,286	2	1,714	0,067
1F305 x 735005	4	2,857	0	1,143	1	2,143	2	0,857	3,733
1F305 x P. Negra	4	2,857	0	1,143	1	2,143	2	0,857	3,733
1F305 x DKB599	0	0,000	0	0,000	5	5,000	2	2,000	0,000
1F305 x BR304	0	0,000	0	0,000	5	5,000	2	2,000	0,000
1F305 x BR310	0	0,000	0	0,000	5	5,000	2	2,000	0,000
1F305 x BRS308	5	3,571	0	1,429	0	1,429	2	0,571	7,000
1F305 x 9920044	2	1,429	0	0,571	3	3,571	2	1,429	1,120
1F305 x 9920045	4	2,857	0	1,143	1	2,143	2	0,857	3,733
1F305 x 1G150	3	3,571	2	1,429	2	1,429	0	0,571	1,120
1F305 x DAS740	4	4,286	2	1,714	1	0,714	0	0,286	0,333

A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 4B, Cont.”

Patos de Minas, MG									
Combinções entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	EO	FE	EO	FE	EO	FE	EO	FE	
SHS500 x 735005	1	0.571	3	3.429	0	0.429	3	2.571	0.875
SHS500 x P. Negra	1	0.571	3	3.429	0	0.429	3	2.571	0.875
SHS500 x DKB599	0	0.000	0	0.000	1	1.000	6	6.000	0.000
SHS500 x BR304	0	0.000	0	0.000	1	1.000	6	6.000	0.000
SHS500 x BR310	0	0.000	0	0.000	1	1.000	6	6.000	0.000
SHS500 x BRS308	1	0.714	4	4.286	0	0.286	2	1.714	0.467
SHS500 x 9920044	0	0.286	2	1.714	1	0.714	4	4.286	0.467
SHS500 x 9920045	1	0.571	3	3.429	0	0.429	3	2.571	0.500
SHS500 x 1G150	1	0.714	4	4.286	0	0.286	2	1.714	0.467
SHS500 x DAS740	1	0.857	5	5.143	0	0.143	1	0.857	0.194
735005 x P. Negra	3	2.286	1	1.714	1	1.714	2	1.286	1.215
735005 x DKB599	0	0.000	0	0.000	4	4.000	3	3.000	0.000
735005 x BR304	0	0.000	0	0.000	4	4.000	3	3.000	0.000
735005 x BR310	0	0.000	0	0.000	4	4.000	3	3.000	0.000
735005 x BRS308	4	2.857	1	2.143	0	1.143	2	0.857	2.667
735005 x 9920044	2	1.143	0	0.857	2	2.857	3	2.143	2.100
735005 x 9920045	4	2.286	0	1.714	0	1.714	3	1.286	7.000
735005 x 1G150	3	2.857	2	2.143	1	1.143	1	0.857	0.058
735005 x DAS740	4	2.857	1	2.143	0	1.143	2	0.857	3.733
P. Negra x DKB599	0	0.000	0	0.000	4	4.000	3	3.000	0.000
P. Negra x BR304	0	0.000	0	0.000	4	4.000	3	3.000	0.000
P. Negra x BR310	0	0.000	0	0.000	4	4.000	3	3.000	0.000
P. Negra x BRS308	3	2.857	2	2.143	1	1.143	1	0.857	0.058
P. Negra x 9920044	2	1.143	0	0.857	2	2.857	3	2.143	2.100
P. Negra x 9920045	3	2.286	1	1.714	1	1.714	2	1.286	1.215
P. Negra x 1G150	3	2.857	2	2.143	1	1.143	1	0.857	0.058
P. Negra x DAS740	4	3.429	2	2.571	0	0.571	1	0.429	1.556

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 4B, Cont.”

155

Combinções entre híbridos	Patos de Minas, MG								χ^2 calculado
	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
DKB599 x BR304	0	0.000	0	0.000	0	0.000	7	7.000	0.000
DKB599 x BR310	0	0.000	0	0.000	0	0.000	7	7.000	0.000
DKB599 x BRS308	0	0.000	5	5.000	0	0.000	2	2.000	0.000
DKB599 x 9920044	0	0.000	2	2.000	0	0.000	5	5.000	0.000
DKB599 x 9920045	0	0.000	4	4.000	0	0.000	3	3.000	0.000
DKB599 x 1G150	0	0.000	5	5.000	0	0.000	2	2.000	0.000
DKB599 x DAS740	0	0.000	6	6.000	0	0.000	1	1.000	0.000
BR304 x BR310	0	0.000	0	0.000	0	0.000	7	7.000	0.000
BR304 x BRS308	0	0.000	5	5.000	0	0.000	2	2.000	0.000
BR304 x 9920044	0	0.000	2	2.000	0	0.000	5	5.000	0.000
BR304 x 9920045	0	0.000	4	4.000	0	0.000	3	3.000	0.000
BR304 x 1G150	0	0.000	5	5.000	0	0.000	2	2.000	0.000
BR304 x DAS740	0	0.000	6	6.000	0	0.000	1	1.000	0.000
BR310 x BRS308	0	0.000	5	5.000	0	0.000	2	2.000	0.000
BR310 x 9920044	0	0.000	2	2.000	0	0.000	5	5.000	0.000
BR310 x 9920045	0	0.000	4	4.000	0	0.000	3	3.000	0.000
BR310 x 1G150	0	0.000	5	5.000	0	0.000	2	2.000	0.000
BR310 x DAS740	0	0.000	6	6.000	0	0.000	1	1.000	0.000
BRS308 x 9920044	2	1.429	0	2.000	3	3.571	2	5.000	3.800
BRS308 x 9920045	4	2.857	0	4.000	1	2.143	2	3.000	4.333
BRS308 x 1G150	3	3.571	2	5.000	2	1.429	0	2.000	3.800
BRS308 x DAS740	4	4.286	2	6.000	1	0.714	0	1.000	3.667
9920044 x 9920045	2	1.143	2	4.000	0	0.857	3	3.000	1.000
9920044 x 1G150	2	1.429	3	5.000	0	0.571	2	2.000	0.800
9920044 x DAS740	2	3.429	4	6.000	0	0.286	1	1.000	0.667
9920045 x 1G150	3	2.857	2	5.000	1	1.143	1	2.000	2.300
9920045 x DAS740	4	3.429	2	6.000	0	0.571	1	1.000	2.667
1G150 x DAS740	5	4.286	1	6.000	0	0.714	1	1.000	4.167

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05).

TABELA 5B Número observado (FO) e esperado (FE) de 23 isolados de *C. sublineolum* com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).

Combinações entre híbridos	Pelotas, RS								χ^2 calculado
	A.A ₂		V.A ₂		A.V ₂		V.V ₂		
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
BR009 x SC83	0	0,000	21	21,00	0	0,000	2	2,000	0,000
BR009 x Volumax	0	0,000	23	23,00	0	0,000	0	0,000	0,000
BR009 x 1F305	0	0,000	23	23,00	0	0,000	0	0,000	0,000
BR009 x SHS500	0	0,000	4	4,00	0	0,000	19	19,000	0,000
BR009 x 735005	0	0,000	13	13,00	0	0,000	10	10,000	0,000
BR009 x P. Negra	0	0,000	22	22,00	0	0,000	1	1,000	0,000
BR009 x DKB599	0	0,000	1	1,00	0	0,000	22	22,000	0,000
BR009 x BR304	0	0,000	2	2,00	0	0,000	21	21,000	0,000
BR009 x BR310	0	0,000	3	3,00	0	0,000	20	20,000	0,000
BR009 x BRS308	0	0,000	22	22,00	0	0,000	1	1,000	0,000
BR009 x 9920044	0	0,000	7	7,00	0	0,000	16	16,000	0,000
BR009 x 9920045	0	0,000	11	11,00	0	0,000	12	12,000	0,000
BR009 x 1G150	0	0,000	18	18,00	0	0,000	5	5,000	0,000
BR009 x DAS740	0	0,000	23	23,00	0	0,000	0	0,000	0,000
SC283 x Volumax	21	21,000	2	2,00	0	0,000	0	0,000	0,000
SC283 x 1F305	21	21,000	2	2,00	0	0,000	0	0,000	0,000
SC283 x SHS500	3	3,652	1	0,35	18	17,348	1	1,652	1,621
SC283 x 735005	11	11,870	2	1,13	10	9,130	0	0,870	1,685
SC283 x P. Negra	20	20,087	2	1,91	1	0,913	0	0,087	0,100
SC283 x DKB599	1	0,913	0	0,09	20	20,087	2	1,913	0,100
SC283 x BR304	2	1,826	0	0,17	19	19,174	2	1,826	0,209
SC283 x BR310	3	2,739	0	0,26	18	18,261	2	1,739	0,329
SC283 x BRS308	20	20,087	2	1,91	1	0,913	0	0,087	0,100
SC283 x 9920044	7	6,391	0	0,61	14	14,609	2	1,391	0,958
SC283 x 9920045	11	10,043	0	0,96	10	10,957	2	1,043	2,008
SC283 x 1G150	16	16,435	2	1,57	5	4,565	0	0,435	0,608
SC283 x DAS740	21	21,000	2	2,00	0	0,000	0	0,000	0,000

¹A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 5B, Cont.”

Combinções entre híbridos	Pelotas, RS								χ^2 calculado
	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		
	EO	EE	EO	EE	EO	EE	EO	EE	
Volumax x 1F305	23	23.000	0	0.00	0	0.000	0	0.000	0.000
Volumax x SHS500	4	4.000	0	0.00	19	19.000	0	0.000	0.000
Volumax x 735005	13	13.000	0	0.00	10	10.000	0	0.000	0.000
Volumax x P. Negra	22	22.000	0	0.00	1	1.000	0	0.000	0.000
Volumax x DKB599	1	1.000	0	0.00	22	22.000	0	0.000	0.000
Volumax x BR304	2	2.000	0	0.00	21	21.000	0	0.000	0.000
Volumax x BR310	3	3.000	0	0.00	20	20.000	0	0.000	0.000
Volumax x BRS308	22	22.000	0	0.00	1	1.000	0	0.000	0.000
Volumax x 9920044	7	7.000	0	0.00	16	16.000	0	0.000	0.000
Volumax x 9920045	11	11.000	0	0.00	12	12.000	0	0.000	0.000
Volumax x 1G150	18	18.000	0	0.00	5	5.000	0	0.000	0.000
Volumax x DAS740	23	23.000	0	0.00	0	0.000	0	0.000	0.000
1F305 x SHS500	4	4.000	0	0.00	19	19.000	0	0.000	0.000
1F305 x 735005	13	13.000	0	0.00	10	10.000	0	0.000	0.000
1F305 x P. Negra	22	22.000	0	0.00	1	1.000	0	0.000	0.000
1F305 x DKB599	1	1.000	0	0.00	22	22.000	0	0.000	0.000
1F305 x BR304	2	2.000	0	0.00	21	21.000	0	0.000	0.000
1F305 x BR310	3	3.000	0	0.00	20	20.000	0	0.000	0.000
1F305 x BRS308	22	22.000	0	0.00	1	1.000	0	0.000	0.000
1F305 x 9920044	7	7.000	0	0.00	16	16.000	0	0.000	0.000
1F305 x 9920045	11	11.000	0	0.00	12	12.000	0	0.000	0.000
1F305 x 1G150	18	18.000	0	0.00	5	5.000	0	0.000	0.000
1F305 x DAS740	23	23.000	0	0.00	0	0.000	0	0.000	0.000

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 5B, Cont.”

Pelotas, RS									
Combinções entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
SHS500 x 735005	4	2.261	9	10.739	0	1.739	10	8.261	3.725
SHS500 x P. Negra	4	3.826	18	18.174	0	0.174	1	0.826	0.220
SHS500 x DKB599	1	0.174	0	0.826	3	3.826	19	18.174	4.966
SHS500 x BR304	2	0.348	0	1.652	2	3.652	19	17.348	10.405**
SHS500 x BR310	1	0.522	2	2.478	3	3.478	17	16.522	0.610
SHS500 x BRS308	4	3.826	18	18.174	0	0.174	1	0.826	0.220
SHS500 x 9920044	3	1.217	4	5.783	1	2.783	15	13.217	4.542
SHS500 x 9920045	3	1.913	8	9.087	1	2.087	11	9.913	1.433
SHS500 x 1G150	3	3.130	15	14.870	1	0.870	4	4.130	0.030
SHS500 x DAS740	4	4.000	19	19.000	0	0.000	0	0.000	0.000
735005 x P. Negra	13	12.435	9	9.565	0	0.565	1	0.435	1.359
735005 x DKB599	1	0.565	0	0.435	12	12.435	10	9.565	0.804
735005 x BR304	2	1.130	0	0.870	11	11.870	10	9.130	1.685
735005 x BR310	3	1.696	0	1.304	10	11.304	10	8.696	2.654
735005 x BRS308	13	12.435	9	9.565	0	0.565	1	0.435	1.359
735005 x 9920044	7	3.957	0	3.043	6	9.043	10	6.957	7.740
735005 x 9920045	11	6.217	0	4.783	2	6.783	10	5.217	16.218**
735005 x 1G150	13	10.174	5	7.826	0	2.826	5	2.174	8.306**
735005 x DAS740	13	13.000	10	10.000	0	0.000	0	0.000	0.000
P. Negra x DKB599	1	0.957	0	0.043	21	21.043	1	0.957	0.048
P. Negra x BR304	2	1.913	0	0.087	20	20.087	1	0.913	0.100
P. Negra x BR310	3	2.870	0	0.130	19	19.130	1	0.870	0.157
P. Negra x BRS308	22	21.043	0	0.957	0	0.957	1	0.043	23.000**
P. Negra x 9920044	7	6.696	0	0.304	15	15.304	1	0.696	0.457
P. Negra x 9920045	11	10.522	0	0.478	11	11.478	1	0.522	0.958
P. Negra x 1G150	18	17.217	0	0.783	4	4.783	1	0.217	3.764
P. Negra x DAS740	22	22.000	1	1.000	0	0.000	0	0.000	0.000

¹A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 5B, Cont.”

Combinções entre híbridos	Pelotas, RS								χ^2 calculado
	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
DKB599 x BR304	1	0,087	1	1,91	0	0,913	21	20,087	10,977**
DKB599 x BR310	1	0,130	2	2,87	0	0,870	20	19,130	6,970
DKB599 x BRS308	1	0,957	21	21,04	0	0,043	1	0,957	0,048
DKB599 x 9920044	1	0,304	6	6,70	0	0,696	16	15,304	2,390
DKB599 x 9920045	1	0,478	10	10,52	0	0,522	12	11,478	1,140
DKB599 x 1G150	1	0,783	17	17,22	0	0,217	5	4,783	0,290
DKB599 x DAS740	1	1,000	22	22,00	0	0,000	0	0,000	0,000
BR304 x BR310	2	0,261	1	2,74	0	1,739	20	18,261	14,603**
BR304 x BRS308	2	1,913	20	20,09	0	0,087	1	0,913	0,100
BR304 x 9920044	2	0,609	5	6,39	0	1,391	16	14,609	5,007
BR304 x 9920045	2	0,957	9	10,04	0	1,043	12	10,957	2,390
BR304 x 1G150	2	1,565	16	16,43	0	0,435	5	4,565	0,608
BR304 x DAS740	2	2,000	21	21,00	0	0,000	0	0,000	0,000
BR310 x BRS308	3	2,870	19	19,13	0	0,130	1	0,870	0,157
BR310 x 9920044	3	0,913	4	6,09	0	2,087	16	13,913	7,886**
BR310 x 9920045	3	1,435	8	9,57	0	1,565	12	10,435	3,764
BR310 x 1G150	3	2,348	15	15,65	0	0,652	5	4,348	0,958
BR310 x DAS740	3	3,000	20	20,00	0	0,000	0	0,000	0,000
BRS308 x 9920044	7	6,696	0	0,30	15	15,304	1	0,696	0,457
BRS308 x 9920045	11	10,522	0	0,48	11	11,478	1	0,522	0,958
BRS308 x 1G150	17	17,217	1	0,78	5	4,783	0	0,217	0,290
BRS308 x DAS740	22	22,000	1	1,00	0	0,000	0	0,000	0,000
9920044 x 9920045	6	3,348	5	7,65	1	3,652	11	8,348	5,789
9920044 x 1G150	5	5,478	13	12,52	2	1,522	3	3,478	0,276
9920044 x DAS740	7	7,000	16	16,00	0	0,000	0	0,000	0,000
9920045 x 1G150	7	7,727	10	9,27	3	2,273	2	2,727	0,552
9920045 x DAS740	11	11,000	12	12,00	0	0,000	0	0,000	0,000
1G150 x DAS740	18	18,000	5	5,00	0	0,000	0	0,000	0,000

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05).

TABELA 6B Número observado (FO) e esperado (FE) de 42 isolados de *C. sublineolum* com virulência a 105 combinações entre híbridos de sorgo, baseando-se na hipótese de associação negativa de virulência, por meio do teste estatístico qui-quadrado (χ^2).

Sete Lagoas, MG									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ^2 calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
BR009 x SC83	0	0,00	31	31,000	0	0,000	11	11,000	0,000
BR009 x Volumax	0	0,000	40	40,000	0	0,000	2	2,000	0,000
BR009 x 1F305	0	0,000	27	27,000	0	0,000	15	15,000	0,000
BR009 x SHS500	0	0,000	2	2,000	0	0,000	40	40,000	0,000
BR009 x 735005	0	0,000	16	16,000	0	0,000	26	26,000	0,000
BR009 x P. Negra	0	0,000	25	25,000	0	0,000	17	17,000	0,000
BR009 x DKB599	0	0,000	12	12,000	0	0,000	30	30,000	0,000
BR009 x BR304	0	0,000	1	1,000	0	0,000	41	41,000	0,000
BR009 x BR310	0	0,000	9	9,000	0	0,000	33	33,000	0,000
BR009 x BRS308	0	0,000	27	27,000	0	0,000	15	15,000	0,000
BR009 x 9920044	0	0,000	5	5,000	0	0,000	37	37,000	0,000
BR009 x 9920045	0	0,000	9	9,000	0	0,000	33	33,000	0,000
BR009 x 1G150	0	0,000	23	23,000	0	0,000	19	19,000	0,000
BR009 x DAS740	0	0,000	35	35,000	0	0,000	7	7,000	0,000
SC283 x Volumax	30	29,524	10	10,476	1	1,476	1	0,524	0,616
SC283 x 1F305	23	19,929	4	7,071	8	11,071	7	3,929	5,061
SC283 x SHS500	2	1,476	0	0,524	29	29,524	11	10,476	0,745
SC283 x 735005	13	11,810	3	4,190	18	19,190	8	6,810	0,740
SC283 x P. Negra	20	18,452	5	6,548	11	12,548	6	4,452	1,224
SC283 x DKB599	11	8,857	1	3,143	20	22,143	10	7,857	2,771
SC283 x BR304	1	0,738	0	0,262	30	30,262	11	10,738	0,363
SC283 x BR310	9	6,643	0	2,357	22	24,357	11	8,643	4,065
SC283 x BRS308	24	19,929	3	7,071	7	11,071	8	3,929	8,893**
SC283 x 9920044	5	3,690	0	1,310	26	27,310	11	9,690	2,014
SC283 x 9920045	9	6,643	0	2,357	22	24,357	11	8,643	4,065
SC283 x 1G150	19	16,976	4	6,024	12	14,024	7	4,976	2,036
SC283 x DAS740	27	25,833	8	9,167	4	5,167	3	1,833	1,207

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 6B, Cont.”

Sete Lagoas, MG									
Combinações entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	EO	FE	EO	FE	EO	FE	EO	FE	
Volumax x 1F305	27	25.714	0	1.286	13	14.286	2	0.714	3.780
Volumax x SHS500	2	1.905	0	0.095	38	38.095	2	1.905	0.105
Volumax x 735005	16	15.238	0	0.762	24	24.762	2	1.238	1.292
Volumax x P. Negra	25	23.810	0	1.190	15	16.190	2	0.810	3.088
Volumax x DKB599	12	11.429	0	0.571	28	28.571	2	1.429	0.840
Volumax x BR304	1	0.952	0	0.048	39	39.048	2	1.952	0.051
Volumax x BR310	9	8.571	0	0.429	31	31.429	2	1.571	0.573
Volumax x BRS308	26	25.714	1	1.286	14	14.286	1	0.714	0.187
Volumax x 9920044	5	4.762	0	0.238	35	35.238	2	1.762	0.284
Volumax x 9920045	9	8.571	0	0.429	31	31.429	2	1.571	0.573
Volumax x 1G150	22	21.905	1	1.095	18	18.095	1	0.905	0.019
Volumax x DAS740	34	33.333	1	1.667	6	6.667	1	0.333	1.680
1F305 x SHS500	1	1.286	1	0.714	26	25.714	14	14.286	0.187
1F305 x 735005	13	10.286	3	5.714	14	16.714	12	9.286	3.240
1F305 x P. Negra	18	16.071	7	8.929	9	10.929	8	6.071	1.601
1F305 x DKB599	9	7.714	3	4.286	18	19.286	12	10.714	0.840
1F305 x BR304	0	0.643	1	0.357	27	26.357	14	14.643	1.844
1F305 x BR310	6	5.786	3	3.214	21	21.214	12	11.786	0.028
1F305 x BRS308	23	17.357	4	9.643	4	9.643	11	5.357	14.383**
1F305 x 9920044	5	3.214	0	1.786	22	23.786	15	13.214	3.153
1F305 x 9920045	7	5.786	2	3.214	20	21.214	13	11.786	0.908
1F305 x 1G150	21	14.786	2	8.214	6	12.214	13	6.786	16.166**
1F305 x DAS740	24	22.500	11	12.500	3	4.500	4	2.500	1.680

¹A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 6B, Cont.”

Sete Lagoas, MG									
Combinções entre híbridos	A ₁ A ₂		V ₁ A ₂		A ₁ V ₂		V ₁ V ₂		χ ² calculado
	FO	FE	FO	FE	FO	FE	FO	FE	
SHS500 x 735005	1	0.762	15	15.238	1	1.238	25	24.762	0.126
SHS500 x P. Negra	1	1.190	24	23.810	1	0.810	16	16.190	0.079
SHS500 x DKB599	0	0.571	12	11.429	2	1.429	28	28.571	0.840
SHS500 x BR304	1	0.048	0	0.952	1	1.952	40	39.048	20.488**
SHS500 x BR310	1	0.429	8	8.571	1	1.571	32	31.429	1.018
SHS500 x BRS308	1	1.286	26	25.714	1	0.714	14	14.286	0.187
SHS500 x 9920044	1	0.238	4	4.762	1	1.762	36	35.238	2.906
SHS500 x 9920045	0	0.429	9	8.571	2	1.571	31	31.429	0.573
SHS500 x 1G150	1	1.095	22	21.905	1	0.905	18	18.095	0.019
SHS500 x DAS740	2	7.500	33	27.500	7	1.500	0	5.500	30.800**
735005 x P. Negra	16	9.524	9	15.476	0	6.476	17	10.524	17.575**
735005 x DKB599	12	4.571	4	11.429	0	7.429	26	18.571	27.300**
735005 x BR304	1	0.381	0	0.619	15	15.619	26	25.381	1.665
735005 x BR310	9	3.429	0	5.571	7	12.571	26	20.429	18.614**
735005 x BRS308	16	10.286	11	16.714	0	5.714	15	9.286	14.359**
735005 x 9920044	5	1.905	0	3.095	11	14.095	26	22.905	9.223**
735005 x 9920045	9	3.429	0	5.571	7	12.571	26	20.429	18.614**
735005 x 1G150	16	8.762	7	14.238	0	7.238	19	11.762	21.351**
735005 x DAS740	16	13.333	19	21.667	0	2.667	7	4.333	5.169
P. Negra x DKB599	12	7.143	0	4.857	13	17.857	17	12.143	11.424**
P. Negra x BR304	1	0.595	0	0.405	24	24.405	17	16.595	0.697
P. Negra x BR310	7	5.357	2	3.643	18	19.643	15	13.357	1.584
P. Negra x BRS308	25	16.071	2	10.929	0	8.929	15	6.071	34.314**
P. Negra x 9920044	5	2.976	0	2.024	20	22.024	17	14.976	3.859
P. Negra x 9920045	9	5.357	0	3.643	16	19.643	17	13.357	7.789
P. Negra x 1G150	23	13.690	0	9.310	2	11.310	17	7.690	34.573**
P. Negra x DAS740	25	20.833	10	14.167	0	4.167	7	2.833	12.353**

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ² tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05). “...continua...”

“TABELA 6B, Cont.”

163

Sete Lagoas, MG									
Combinções entre	A.A.		V.A.		A.V.		V.V.		χ^2 calculado
	EO	EE	EO	EE	EO	EE	EO	EE	
DKB599 x BR304	0	0,286	1	0,714	12	11,714	29	29,286	0,410
DKB599 x BR310	4	2,571	5	6,429	8	9,429	25	23,571	1,414
DKB599 x BRS308	10	7,714	17	19,286	2	4,286	13	10,714	2,655
DKB599 x 9920044	1	1,429	4	3,571	11	10,571	26	26,429	0,204
DKB599 x 9920045	5	2,571	4	6,429	7	9,429	26	23,571	4,087
DKB599 x 1G150	9	6,571	14	16,429	3	5,429	16	13,571	2,778
DKB599 x DAS740	11	10,000	24	25,000	1	2,000	6	5,000	0,840
BR304 x BR310	1	0,571	23	23,429	0	0,429	18	17,571	0,768
BR304 x BRS308	1	0,643	26	26,357	0	0,357	15	14,643	0,569
BR304 x 9920044	1	0,119	4	4,881	0	0,881	37	36,119	7,580
BR304 x 9920045	1	0,214	8	8,786	0	0,786	33	32,214	3,756
BR304 x 1G150	1	0,548	22	22,452	0	0,452	19	18,548	0,846
BR304 x DAS740	1	0,833	34	34,167	0	0,167	7	6,833	0,205
BR310 x BRS308	9	5,786	18	21,214	0	3,214	15	11,786	6,364
BR310 x 9920044	5	1,071	0	3,929	4	7,929	33	29,071	20,811**
BR310 x 9920045	9	1,929	0	7,071	0	7,071	33	25,929	42,000**
BR310 x 1G150	9	4,929	14	18,071	0	4,071	19	14,929	9,462**
BR310 x DAS740	9	7,500	26	27,500	0	1,500	7	5,500	2,291
BRS308 x 9920044	5	3,214	0	1,786	22	23,786	15	13,214	3,153
BRS308 x 9920045	9	5,786	0	3,214	18	21,214	15	11,786	6,364
BRS308 x 1G150	21	14,786	2	8,214	6	12,214	13	6,786	16,166**
BRS308 x DAS740	24	22,500	11	12,500	3	4,500	4	2,500	1,680
9920044 x 9920045	1	1,071	8	7,929	4	3,929	29	29,071	0,007
9920044 x 1G150	4	2,738	19	20,262	1	2,262	18	16,738	1,459
9920044 x DAS740	4	4,167	31	30,833	1	0,833	6	6,167	0,045
9920045 x 1G150	7	4,929	16	18,071	2	4,071	17	14,929	2,449
9920045 x DAS740	8	7,500	27	27,500	1	1,500	6	5,500	0,255
1G150 x DAS740	21	19,167	14	15,833	2	3,833	5	3,167	2,326

¹ A= avirulência e V= virulência. As duas letras juntas indica a reação do primeiro e do segundo genótipos, respectivamente. χ^2 tabelado = 7,815, *Associação negativamente significativa para virulência. **Associação positivamente significativa para virulência (P< 0,05).

ANEXO C

- FIGURA 1C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.....166
- FIGURA 2C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados de 71 a 92 = Sete Lagoas, MG, 101 e 108 = Patos de Minas, MG, 111 a 138 = Goiânia, GO.....167
- FIGURA 3C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados 139 a 152 = Goiânia, GO, 154 a 177 = Pelotas, RS, 201 e 202 = Campo Novo do Parecis, MT.....168
- FIGURA 4C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados 204 a 222 = Campo Novo do Parecis, MT, 213 = Primavera do Leste, MT, 239 a 263 = Distrito Federal e 281 a 291 = Mineiros, GO.....169
- FIGURA 5C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados 292 a 300 = Mineiros, GO.....170
- FIGURA 6C Perfil ISSR gerado pelo *primer* ACA de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M

<p>corresponde a <i>C. graminicola</i> amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.....</p>	171
<p>FIGURA 7C Perfil ISSR gerado pelo <i>primer</i> ACA de 153 isolados de <i>C. sublineolum</i> em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a <i>C. graminicola</i> amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.....</p>	172
<p>FIGURA 8C Perfil ISSR gerado pelo <i>primer</i> ACA de 153 isolados de <i>C. sublineolum</i> em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a <i>C. graminicola</i> amostrado em milho Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.....</p>	173
<p>FIGURA 9C Perfil ISSR gerado pelo <i>primer</i> ACA de 153 isolados de <i>C. sublineolum</i> em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a <i>C. graminicola</i> amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.....</p>	174
<p>FIGURA 10C Perfil ISSR gerado pelo <i>primer</i> ACA de 153 isolados de <i>C. sublineolum</i> em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a <i>C. graminicola</i> amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.....</p>	175

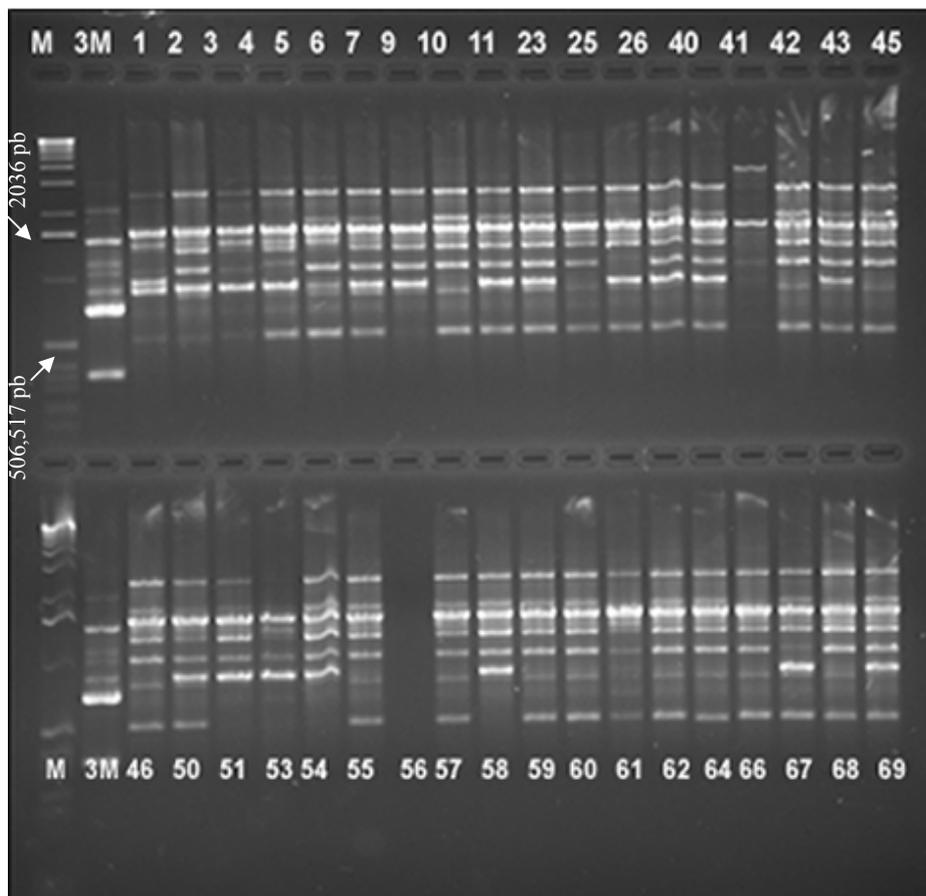


FIGURA 1C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.

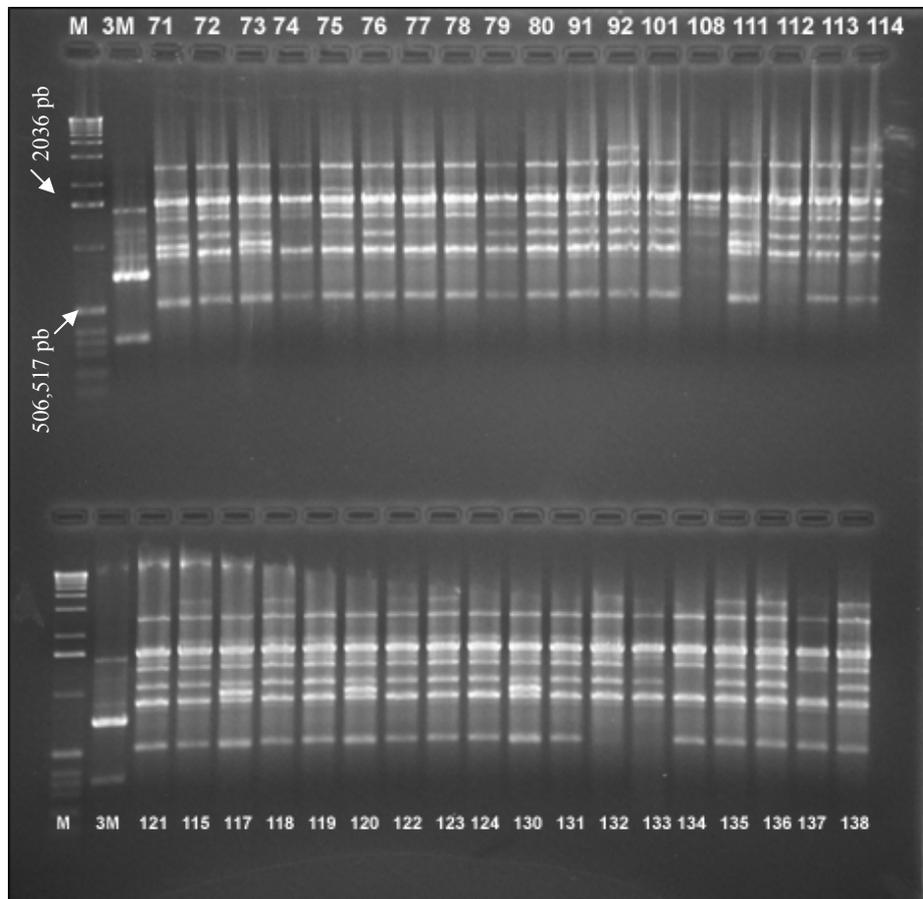


FIGURA 2C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados de 71 a 92 = Sete Lagoas, MG, 101 e 108= Patos de Minas, MG, 111 a 138 = Goiânia, GO.

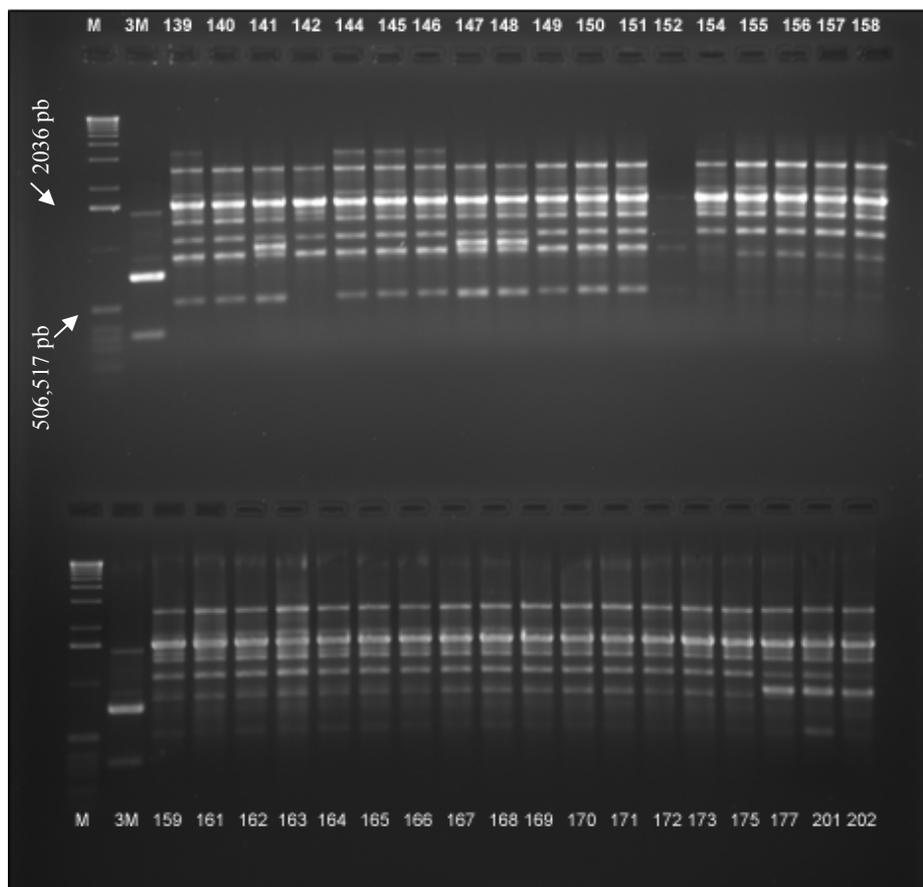


FIGURA 3C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados 139 a 152 = Goiânia, GO, 154 a 177 = Pelotas, RS, 201 e 202 = Campo Novo do Parecis, MT.

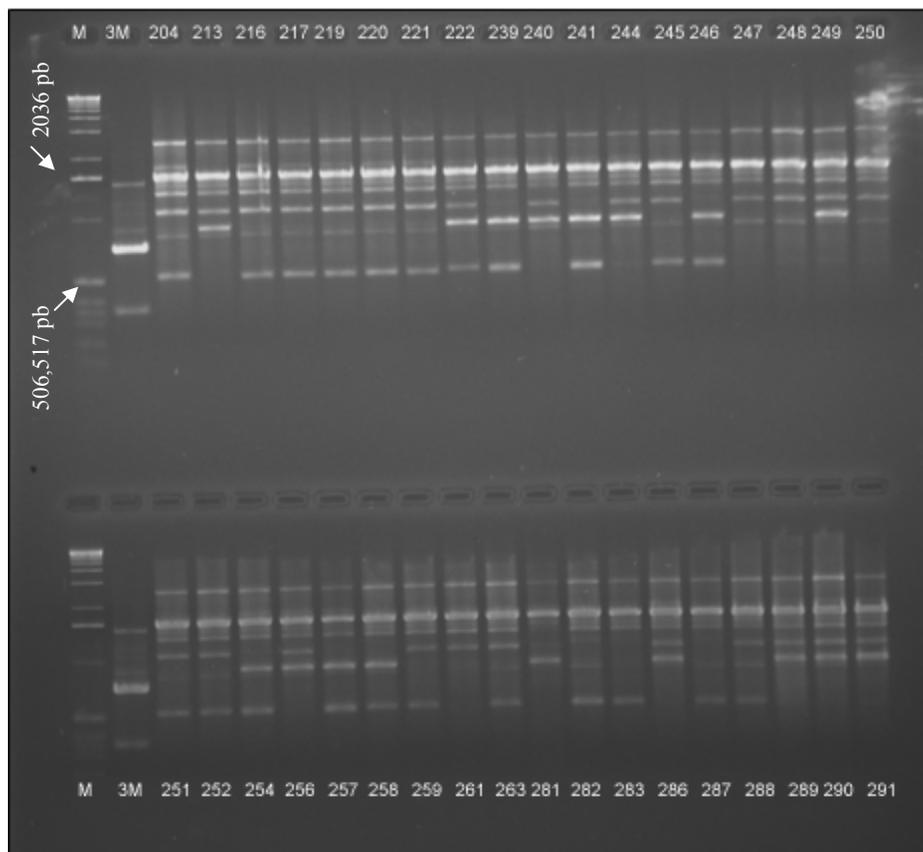


FIGURA 4C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados 204 a 222 = Campo Novo do Parecis, MT, 213 = Primavera do Leste, MT, 239 a 263 = Distrito Federal e 281 a 291 = Mineiros, GO.

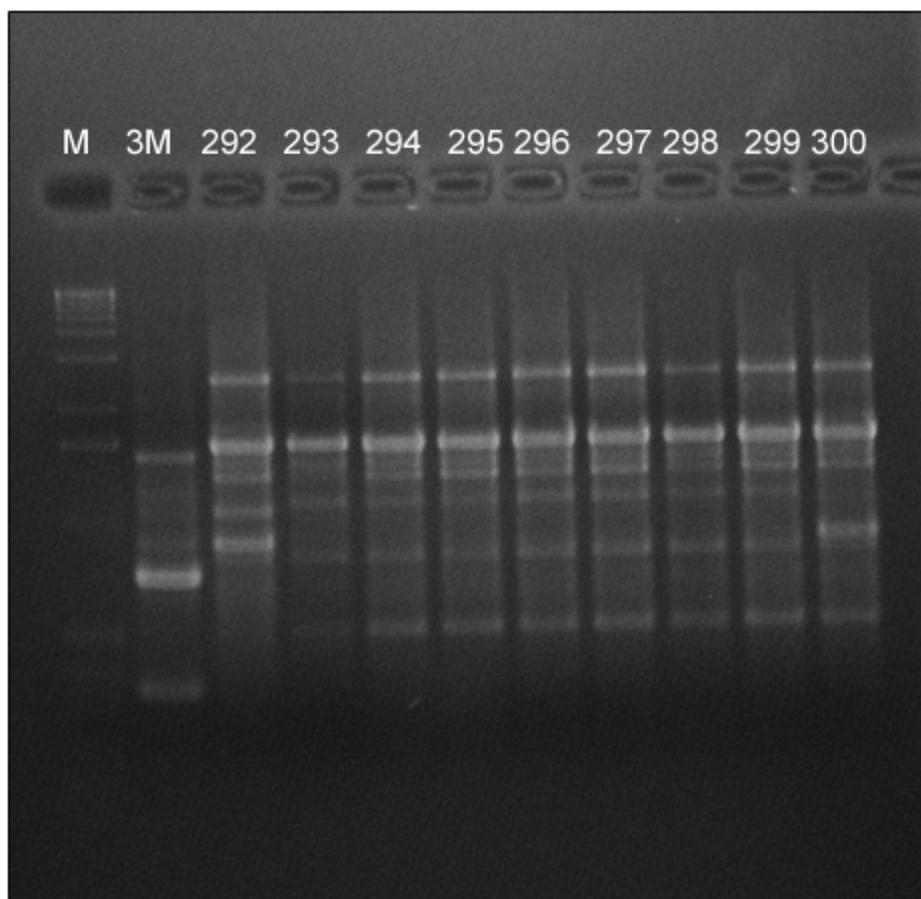


FIGURA 5C Perfil ISSR gerado pelo *primer* AAC de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados 292 a 300 = Mineiros, GO.

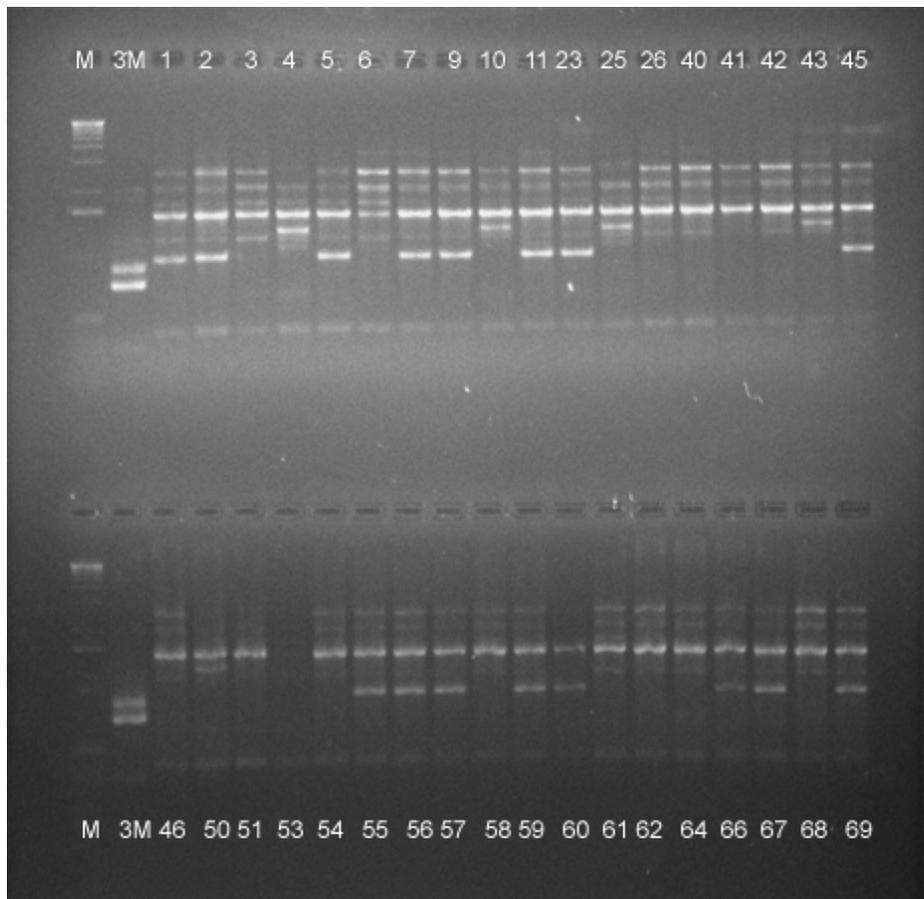


FIGURA 6C Perfil ISSR gerado pelo *primer* ACA de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.

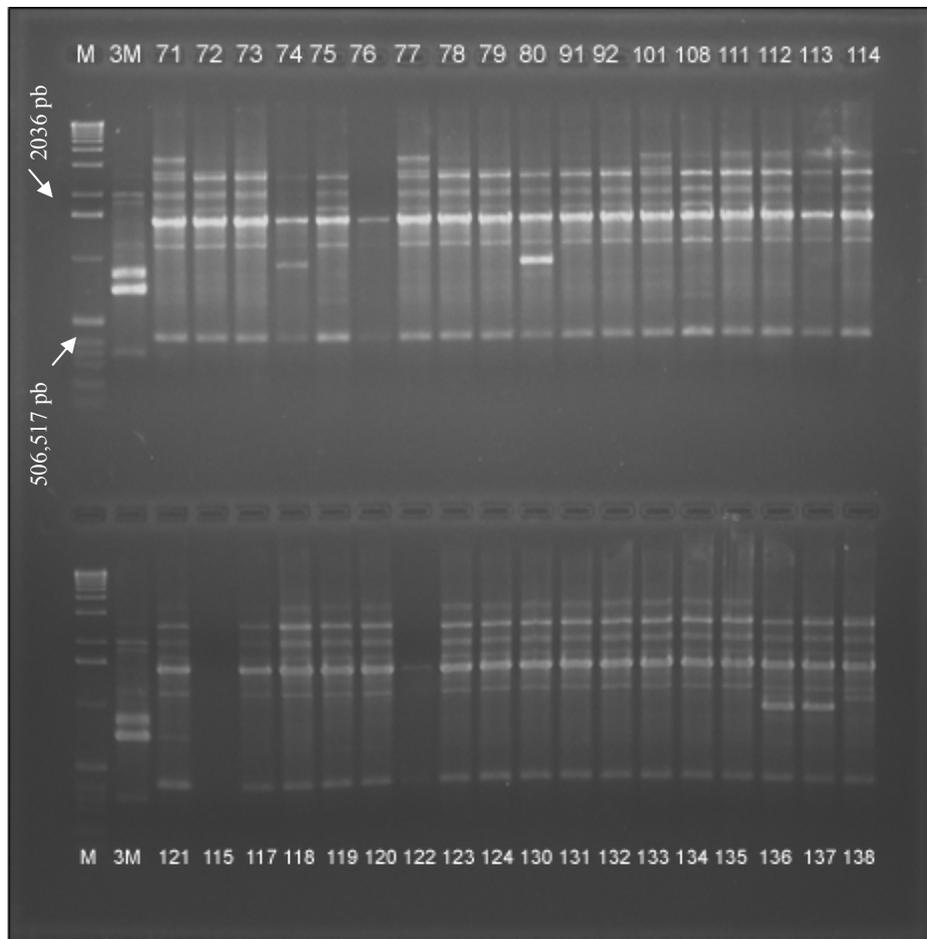


FIGURA 7C Perfil ISSR gerado pelo *primer* ACA de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.

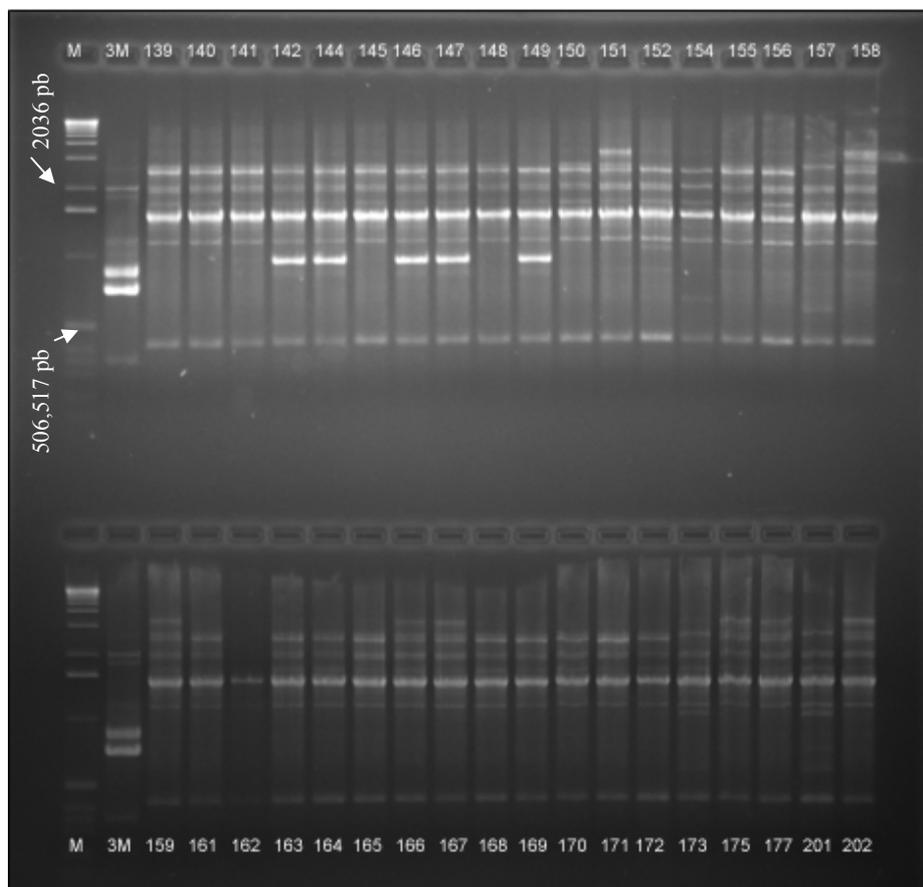


FIGURA 8C Perfil ISSR gerado pelo *primer* ACA de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.

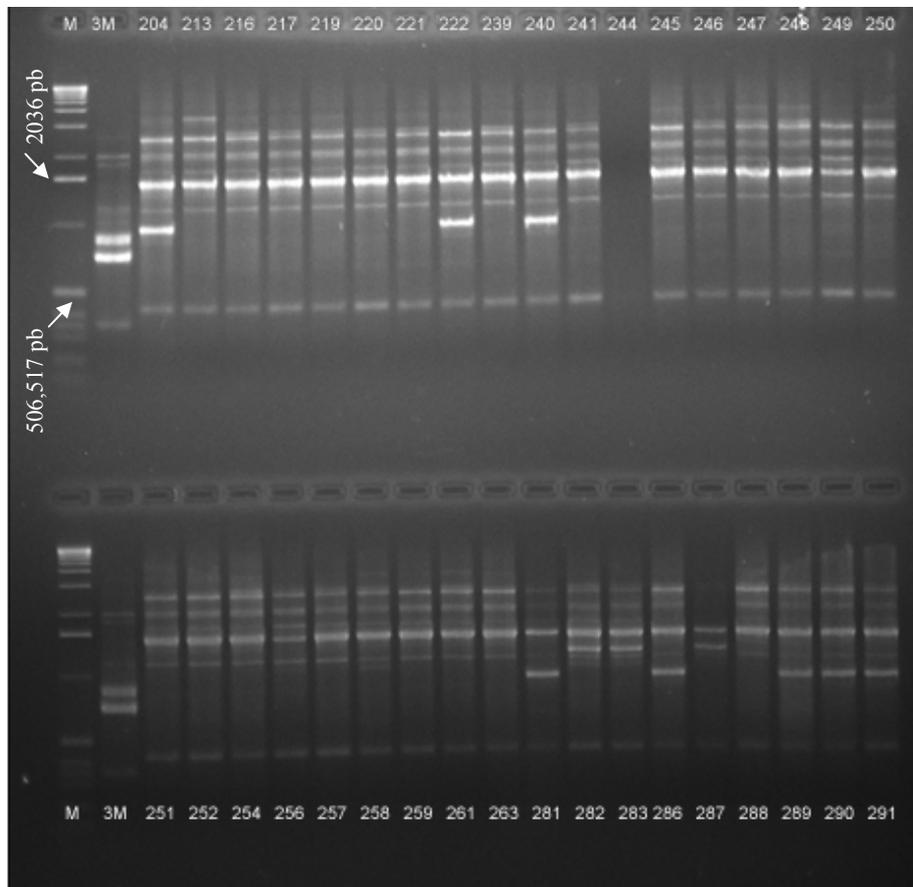


FIGURA 9C Perfil ISSR gerado pelo *primer* ACA de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.

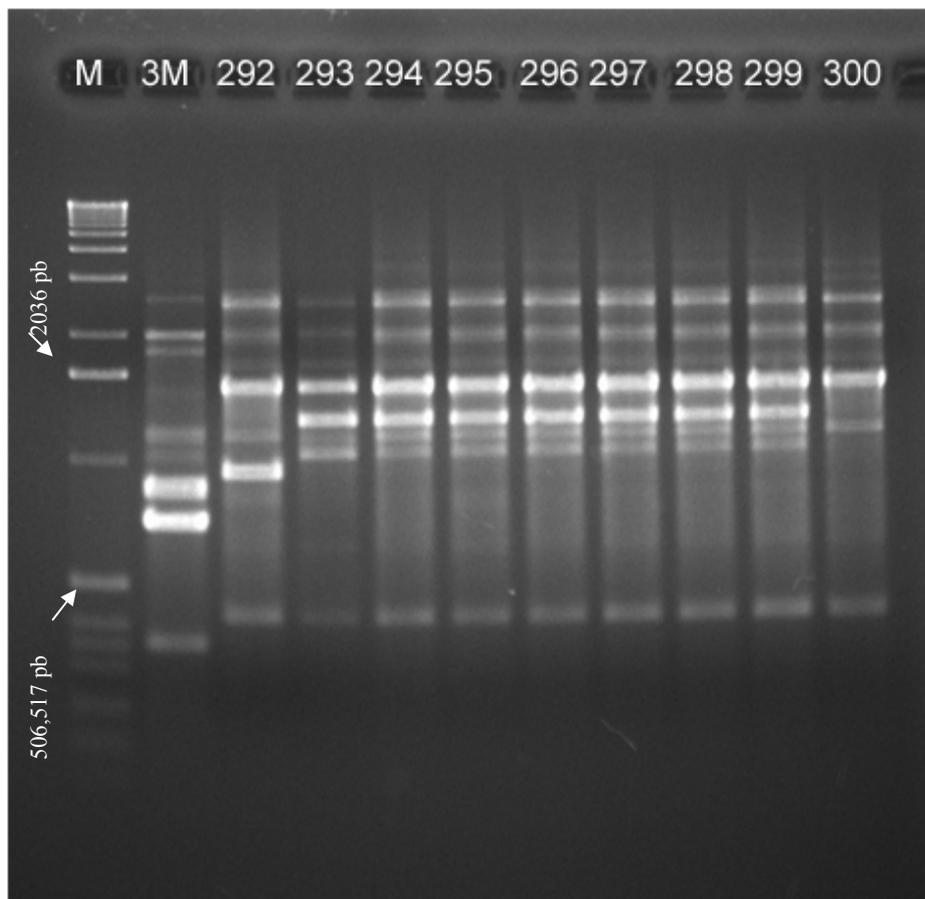


FIGURA 10 C Perfil ISSR gerado pelo *primer* ACA de 153 isolados de *C. sublineolum* em nove regiões no Brasil. Linha 1: marcador 1 KB Ladder. Linha 2: o isolado 3M corresponde a *C. graminicola* amostrado em milho. Isolados de 1 a 46 = Jardinópolis, SP e de 50 a 69 = Sete Lagoas, MG.