

UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE
PLANTAS

MARCILENE ALVES DE SOUZA CASTRILLON

**Reação de genótipos de sorgo biomassa e sacarino à *Ramulispora
sorghii***

CÁCERES
MATO GROSSO-BRASIL
DEZEMBRO-2016

MARCILENE ALVES DE SOUZA CASTRILLON

**Reação de genótipos de sorgo biomassa e sacarino à *Ramulispora
sorghii***

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. MARCO ANTONIO APARECIDO BARELLI

CÁCERES
MATO GROSSO-BRASIL
DEZEMBRO-2016

Castrillon, Marcilene Alves de Souza

Reação de genótipos de sorgo biomassa e sacarino à *Ramulispora sorghi*./ Marcilene Alves de Souza Castrillon. – Cáceres/MT: UNEMAT, 2016.

76f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade do Estado de Mato Grosso. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, 2016.

Orientador: Marco Antonio Aparecido Barelli

Co-orientador:a: Carla Lima Corrêa

1. Sorgo. 2. mancha-de-ramulispora - sorgo. 3. Sorgo – resistência genética. 4. Sorghum bicolor (L.) Moench. I. Título.

CDU: 633.174(817.2)

Ficha catalográfica elaborada por Tereza Antônia Longo Job CRB1-1252

Reação de genótipos de sorgo biomassa e sacarino à *Ramulispora sorghi*.

MARCILENE ALVES DE SOUZA CASTRILLON

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Aprovado em 07 de dezembro de 2016.

Comissão Examinadora:



Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli
PGMP-Unemat



Prof.ª Dr.ª Carla Corrêa Lima
Depto Agronomia - Unemat



Prof.ª Dr.ª Juliana Parisotto Poletine
PAG-UEM

À Deus por me proporcionar mais uma conquista. A minha família pelo amor e exemplo de vida, especialmente aos meus pais Miguel Alves de Souza e Nadir Rosa de Souza. Ao meu companheiro Miguel Castrillon Migales por ser a pessoa que alegra meus dias. Aos meus orientadores, pela paciência e todo auxílio necessário.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por ter me dado o prestígio de realizar mais este sonho, pela proteção, saúde, por me guiar e conduzir durante a minha vida.

À Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT, em especial ao Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia, pela oportunidade.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoas de Nível Superior (CAPES) / Fundo de Apoio a Pesquisa de Mato Grosso (Fapemat) pela bolsa concedida.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA, pelo apoio técnico.

Ao meu orientador Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli, pela amizade, pela orientação, pelos ensinamentos e pela valiosa colaboração durante todo trabalho de pesquisa.

À minha Coorientadora Dr^a. Carla Lima Corrêa, pela amizade, pela orientação e ensinamento e valiosa contribuição durante todo o processo.

Aos professores do Programa de Pós - Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas – PGMP, por participarem deste passo tão importante em minha vida profissional e pelas oportunidades de geração de conhecimentos e qualificação.

Ao pesquisador Dr. Flávio Dessaune Tardin e Dr^a. Dagma Dionisia da Silva pela contribuição nesta pesquisa.

À minha família, Miguel, Nadir e meus irmãos pelo apoio, compreensão, e em especial, ao meu esposo Miguel Castrillon Migales pelo amor, companheirismo, incentivo e paciência ao longo deste percurso, por sempre depositar confiança em mim.

Aos meus grandes amigos, Antônio, Fabio, Taiana e Raiane, por tudo que passamos juntos, pelas alegrias, e pela agradável convivência durante o curso sempre terei a lembrança dos bons momentos.

À equipe do Laboratório de Genética e Melhoramento de Plantas pela companhia. A todos os bolsistas e voluntários que estiveram envolvidos no presente trabalho nesses dois anos, vocês foram fundamentais para o desenvolvimento desta pesquisa.

Muito Obrigada!

BIOGRAFIA

MARCILENE ALVES DE SOUZA CASTRILLON, filha de Miguel Alves de Souza e Nadir Rosa de Souza, nasceu no Município de Cáceres - MT, no dia 29 de Janeiro de 1986. Em 2005 obteve aprovação no vestibular de Ciências Biológicas na Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Campus de Cáceres-MT. Especializou-se em Perícia em Licenciamento Ambiental, em Janeiro de 2010, pela Faculdade Católica de Cuiabá-MT.

Em 2015 ingressou no Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), em Cáceres-MT.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Origem do sorgo e aspectos gerais.....	3
2.2. Características morfológicas e fenologia da cultura do sorgo.....	4
2.3. Sorgo Biomassa e Sorgo Sacarino.....	5
2.4. Sintomatologia e condições de desenvolvimento da mancha-de-ramulispora..	7
2.5. Melhoramento genético na cultura do sorgo e análises genéticas.....	8
2.6. Resistência genética e interação patógeno hospedeiro.....	10
2.7. Métodos multivariados.....	12
2.7.1. Associação entre caracteres.....	14
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	17
3.1. Material experimental.....	17
3.2. Instalação e condução do experimento.....	18
3.2.1. Área experimental e condução do experimento.....	18
3.2.2. Inoculação dos Isolados.....	18
3.2.3. Variáveis analisadas entre os genótipos de sorgo quanto à reação ao fungo <i>Ramulispora sorghi</i>	20
3.2.3.1. Área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD).....	20
3.2.3.2. Comprimento e Largura das lesões (CL1; CL2; CL3 e LL1; LL2; LL3)....	21
3.2.3.3. Área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão (AACEAL).....	22
3.2.3.4. Período de Incubação (PI).....	22
3.2.3.5. Período de Latência (PL).....	23
3.3. Análises Estatísticas.....	23
3.3.1. Análise de variância univariada.....	23
3.3.2. Comparação entre médias.....	24
3.3.3. Correlação simples de Pearson.....	24
3.3.4. Análise multivariada.....	25
3.3.4.1. Distância generalizada de <i>Mahalanobis</i>	25
3.3.4.2. Análise de agrupamento.....	25
3.3.4.3. Método de Otimização de Tocher.....	26

3.3.4.4 Método hierárquico de UPGMA.....	26
3.3.4.5 Coeficiente de correlação cofenética.....	27
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	29
4.1 <i>Ramulispora sorghi</i> – ISO1 Embrapa.....	29
4.1.1 Análise de variância univariada.....	29
4.1.2 Estimativa de correlação simples de Pearson.....	33
4.1.2. Análise de agrupamento pelo método de Tocher, UPGMA e Projeção.....	37
4.2 <i>Ramulispora sorghi</i> – ISO2 Unemat.....	41
4.2.1 Análise de variância univariada.....	41
4.2.2 Estimativa de correlação simples de Pearson.....	46
4.2.3 Análise de agrupamento pelo método de Tocher, UPGMA e Projeção.....	49
5. CONCLUSÕES.....	54
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	55

RESUMO

CASTRILLON, Marcilene Alves de Souza, M. Sc., UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, dezembro de 2016. **Reação de genótipos de sorgo biomassa e sacarino à *Ramulispora sorghi***; Professor Orientador: D. Sc. Marco Antonio Aparecido Barelli, Professores Conselheiros: D. Sc. Carla Lima Corrêa e D. Sc. Juliana Parisotto Poletine.

O sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) é uma cultura antiga que foi domesticada a cerca de 7000 mil anos, a partir daí ocorreu sua expansão por diversas áreas agrícolas do mundo. Apesar da cultura do sorgo ser importante no mundo e no Brasil, a ocorrência de doenças é um dos fatores limitantes na sua produção, dependendo das condições ambientais, da suscetibilidade do cultivar e da virulência do patógeno. Dentre as doenças que atacam a cultura do sorgo podemos citar a mancha-de-ramulispora, onde seus sintomas são lesões necróticas de forma elíptica, alongadas, com vários centímetros de comprimento e de 1 a 2 cm de largura, e em volta das lesões à presença de halo amarelado e de numerosos escleródios, dando-lhes aspecto fuliginoso. Diante deste contexto, o presente estudo objetivou avaliar o comportamento de genótipos de sorgo biomassa e sacarino quanto à reação a isolados de *Ramulispora sorghi*. Os dois experimentos foram conduzidos em delineamento inteiramente casualizado, com três repetições na casa de vegetação do laboratório de melhoramento Genético Vegetal (LMGV), localizado na Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, em Cáceres-MT, a fim de testar o comportamento dos 16 genótipos de sorgo e uma testemunha, à reação a dois isolados ISO1 Embrapa e ISO2 Unemat. Aos 28 dias após o plantio, procedeu-se a inoculação artificial, com um pulverizador manual. As variáveis analisadas foram: área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD); comprimento da lesão da 1^o medição (CL1); comprimento da lesão da 2^o medição (CL2); comprimento lesão da 3^o medição (CL3); largura da lesão da 1^o medição (LL1); largura da lesão da 2^o medição (LL2); largura da lesão da 3^o medição (LL3); área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão (ACEAL); período de incubação (PI) e período de latência (PL). Os dados foram submetidos à análise de variância, correlação de Pearson e análise multivariada com base na distância de *Mahalanobis*, empregando o método de agrupamento de Tocher, UPGMA e projeção de distância no plano. Foram observadas diferenças significativas ao nível

de ($p < 0,01$) e a ($p < 0,05$), para quase todas as variáveis analisadas, tanto para o ISO1 Embrapa e ISO2 Unemat, evidenciando assim a existência de variação. Os agrupamentos gerados pelo método de Otimização de Tocher, UPGMA e Projeção de distância no plano, em ambos isolados, foram concordantes, não apenas quanto ao número de grupos estabelecidos, mas, também, quanto aos genótipos constituintes dos grupos. Os genótipos que foram submetidos à reação ao ISO1 Embrapa e ISO2 Unemat, foram agrupados em dois grupos distintos, sendo que o grupo I composto por todos os genótipos que receberam a inoculação e o grupo II formado apenas pela testemunha. Onde o ISO1 Embrapa destacou o genótipo 201429B033 como o mais divergente e suscetível ao patógeno por apresentar média elevada de sintomas para a característica AACEAL e os demais genótipos apresentaram comportamento intermediário. Já o ISO2 Unemat destacou genótipo CV198, como o mais divergente e mais suscetível ao patógeno, e os genótipos 201429B015 e 201429B022 com indicativo de tolerância à mancha-de-ramulispóra, por apresentarem reduzida sintomatologia quanto à área total afetada pelo patógeno. Mediante os resultados encontrados para os dois experimentos, verificou-se que todos os genótipos avaliados apresentaram sintomas da mancha-de-ramulispóra, demonstrando sua suscetibilidade ao patógeno.

Palavras-Chave: mancha-de-ramulispóra; resistência genética; *Sorghum bicolor* (L.) Moench.

ABSTRACT

CASTRILLON, Marcilene Alves de Souza, M. Sc., MATO GROSSO STATE UNIVERSITY, December 2016. **Reaction of biomass and sweet sorghum genotypes to *Ramulispora sorghi***. Guiding Professor: D. Sc. Marco Antonio Aparecido Barelli, Advisor Professors: D. Sc. Carla Lima Corrêa and D. Sc. Juliana Parisotto Poletine.

Sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) is a very ancient culture which was domesticated 7000 years ago, and after that, it expanded to several agricultural areas of the world. Although sorghum culture is important in Brazil and in the world, the occurrence of diseases is one of the limiting factors of its production, depending on the environmental conditions, cultivar susceptibility and the pathogen virulence. Among the diseases that attack sorghum culture it is possible to mention the Sooty Stripe, where its symptoms are long necrotic lesions in elliptical shape, having several centimeters length and 1 to 2 centimeters of width and around the lesions there is a kind of yellowish halo and numerous sclerotia giving it a sooty aspect. In this context, this study aimed at evaluating the behavior of biomass and sweet sorghum in reaction to isolates of *Ramulispora sorghi*. Two experiments were conducted in randomized design with three replications in the experimental area of the Plants' Genetic improvement laboratory (LMGV) located at Mato Grosso State University – UNEMAT in Cáceres, Mato Grosso State in order to test the reaction of 16 sorghum genotypes and one non-inoculated genotype to the isolates ISO1 Embrapa and ISO2 Unemat. In 28 days after the planting, the artificial inoculation started with a plant's hand sprayer. The analyzed variables were: the area under the disease progress curve (AACPD), lesion length in the first measurement (CL1); lesion length in the second measurement (CL2); lesion length in the third measurement (CL3); lesion width in the first measurement (LL1), lesion width in the second measurement (LL2); lesion width in the third measurement (LL3); normalized area under the lesion expansion curve (AACEAL); incubation period (PI); and latency period (PL). The data was submitted to a variance analysis, Pearson correlation, multivariate analysis based on *Mahalanobis*, using groupings through Tocher method and UPGMA. Significant differences were observed at level ($p < 0,01$) and at ($p < 0,05$) for almost all the evaluated feature both for the ISO1 Embrapa and ISO2 Unemat in which it is possible to identify a variation. The groupings from the optimization Tocher

method, UPGMA and Projection distance in the plane in both isolates were consistent not only in the number of groups but also in the genotypes in the groups. The genotypes were submitted to ISO1 Embrapa and ISO2 Unemat reaction and were divided into two groups: group I was composed by all the genotypes which received inoculation and group II was composed only by the non-inoculated one. For ISO1 Embrapa, the genotype 201429B033 stood out as the most divergent and susceptible to the pathogen for showing high average of symptoms to the AACEAL feature and the other genotypes showed an intermediate behavior. While for ISO2 Unemat, CV198 stood out as the most divergent and susceptible to the pathogen and the genotypes 201429B015 and 201429B022 with an indicative of tolerance to the Sooty Stripes for showing little symptomatology in relation to the total area affected by the pathogen. According to the found results for both experiments, it was possible for verify that all the observed genotypes had symptoms of the Sooty stripe showing its susceptibility to the pathogen.

Key-words: Sooty Stripe of Sorghum, Genetic Resistance, *Sorghum bicolor* (L.) Moench

1. INTRODUÇÃO

O sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) é o quinto cereal mais importante do mundo, atrás apenas do arroz, trigo, milho e cevada. Os maiores produtores de sorgo do mundo estão localizados principalmente na América do Norte, sendo os Estados Unidos e o México os países de maior produção, enquanto o Brasil ocupa a décima posição com uma área de 698,8 mil ha plantados (Conab, 2016).

É uma planta nativa da África que suporta temperaturas elevadas e se desenvolve bem em zonas secas, apresenta tolerância média à acidez do solo e seu metabolismo é do tipo C4, tolera elevados níveis de radiação solar respondendo com altas taxas fotossintéticas (Rodrigues Filho et al., 2006).

No Brasil são cultivados diferentes tipos de sorgo: granífero; forrageiro; vassoura; sacarino e recentemente o biomassa. O sorgo granífero apresenta porte baixo e está relacionado principalmente à produção de grãos, possuindo valor nutricional semelhante ao do milho (Newmann, 2004); o sorgo forrageiro é empregado na fabricação de silagens e na alimentação animal (Teixeira et al., 2014), o sorgo vassoura destaca-se por possuir panícula curta e longas, além de grãos pequenos, caules secos casca dura e, atualmente, pode ser visto como matéria-prima para a produção de vassouras artesanais (Favarato, 2011); o sorgo sacarino tem ganhado destaque na agricultura por ser uma cultura com potencial energético, podendo ser utilizado na produção de açúcar e etanol (Almorades; Hadi, 2009); e recentemente o biomassa por apresentar particularidade de ser sensível ao fotoperíodo e ser utilizado como fonte de amido e lignocelulósica (Hoffmann; Rooney, 2014).

O sorgo é uma cultura economicamente importante no mundo e no Brasil, a ocorrência de doenças é um dos fatores limitantes à sua produção, isso vai depender das condições ambientais, da suscetibilidade do cultivar e da virulência do patógeno, podendo causar perdas de aproximadamente 46% no peso final dos grãos (Da Silva et al., 2013). Dentre as doenças que afetam a cultura do sorgo no Brasil, são citadas como as mais importantes: antracnose (*Colletotrichum sublineolum*); míldio (*Peronosclerospora sorghi*); helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*); ferrugem (*Puccinia purpurea*); ergot ou doença açucarada (*Claviceps*

africana) e podridão seca (*Macrophomina phaseolina*) (Da Silva et al., 2013). Outras doenças, que embora possam aparecer com frequência no campo até o momento, são consideradas secundárias, dentre as quais se destacam a cercosporiose (*Cercospora fusimaculans*), a mancha-alvo (*Bipolares sorghicola*) e a mancha-de-ramulispóra (*Ramulispóra sorghi*) (Cota et al., 2013).

A mancha-de-ramulispóra é uma doença de grande importância na China e nos Estados Unidos e tem sido eventualmente detectada na cultura do sorgo, nos plantios no Brasil (Ferreira et al., 2007). O patógeno tem como hospedeiro somente às espécies de sorgo, podendo afetar a planta em todos os estágios de seu desenvolvimento, desde a fase de plântulas até a sua maturidade, em que a transmissão do fungo associado via semente para planta ainda não foi estudada.

A doença foi descrita pela primeira vez em 1903, nos Estados Unidos. Desde então, tem sido comum em importantes regiões produtoras de sorgo no mundo, causando graves perdas de produção na África, Ásia e na América, a exemplo do ocorrido no Kansas, Estados Unidos, em que houve incidência de 80% no campo e perdas na produção de 10% a 26% (Brady et al., 2011).

O desenvolvimento do fungo *Ramulispóra sorghi* é favorecido por condições de alta temperatura e umidade, o patógeno sobrevive no solo, ou em restos culturais na forma de microescleródios e, em condições favoráveis, germinam produzindo grande quantidade de conídios, os quais são dispersos através de chuvas e ventos (Cúdom et al., 2016).

A mancha-de-ramulispóra é considerada uma doença secundária, entretanto, nos plantios consecutivos de sorgo realizados na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, na Unemat em Cáceres-MT, foi observada uma ampla incidência desta doença, superando outras doenças como exemplo a antracnose que é considerada primária. Diante do exposto, este trabalho tem por objetivo avaliar o comportamento de genótipos de sorgo, quanto à reação a isolados de *Ramulispóra sorghi*.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Origem do sorgo e aspectos gerais

O sorgo teve sua origem no continente Africano Oriental (Etiópia e/ou Sudão), datado entre 5 a 7 mil anos atrás, onde se encontra a maior variabilidade em espécies silvestres e cultivadas atualmente (Von Pinho, 2002; Santos et al. 2005). A dispersão do sorgo se deu através de rotas de comerciais, trazidas por nativos africanos que migravam por vários países da América Central e do Norte (May et al., 2015).

No Brasil, a sua introdução ocorreu da mesma forma como na América Central e do Norte, através dos escravos africanos. A cultura do sorgo apresentou avanço significativo a partir da década de 1970, com uso difundido para a produção de grãos e forragem animal, mas também como fonte de energia renovável, através da produção de etanol ou na geração de energia térmica via biocombustão (Ribas, 2010; Castro, 2014).

Segundo dados do “10º Levantamento de Avaliação da Safra de Grãos”, da Companhia Nacional de Abastecimento (Conab, 2016), os Estados que lideram a produção nacional para a safra de 2014/2015 são: Goiás com uma produção de 922,5 mil toneladas, seguido de Minas Gerais com 507,4 mil toneladas e, por Mato Grosso com 347,3 mil toneladas, demonstrando grande queda na produção mato-grossense em relação ao ano anterior onde a produção do grão alcançou 408 mil toneladas.

Tais resultados se devem a versatilidade e potencial produtiva da planta, por ser adaptável a vários tipos de ambientes, principalmente com deficiência hídrica e alta temperatura, condições estas desfavoráveis a muitos cereais. Essas características lhe permitem o cultivo em regiões com distribuição irregular de chuva e em sucessão a culturas de verão (Tardin et al., 2010).

O sorgo é, entre as espécies alimentares, uma das mais eficientes, tanto do ponto de vista fotossintético como em velocidade de maturação. Sua aplicabilidade se estende desde o uso de seus grãos como alimento humano e animal; como matéria prima para a produção de álcool anidro, bebidas alcoólicas, colas e tintas; o

uso de suas panículas para produção de vassouras; extração de açúcar de seus colmos; até inúmeras aplicações de sua forragem na nutrição de ruminantes (Fernandes, 2014).

O cultivo oferece aos produtores algumas vantagens como rapidez no ciclo de desenvolvimento, uma cultura totalmente mecanizável, produção de grãos em torno de $2,5 \text{ t ha}^{-1}$, que podem ser utilizados para alimentação humana e/ou animal, produção de biocombustível, utilização do bagaço como fonte de energia para industrialização, na cogeração de eletricidade e na produção de forragem para alimentação de animais (Parrella, 2011).

2.2. Características morfológicas e fenologia da cultura do sorgo

O sorgo é uma planta anual, pertencente à tribo Andropogononeas da subfamília Panicoidea, ordem Poales, família *Poaceae* (Gramíneas), gênero *Sorghum* e espécie *Sorghum bicolor* (L.) Moench é uma espécie diplóide com 10 pares de cromossomos ($2n=2x=20$) no seu genoma (Santos et al., 2005).

A planta de sorgo é formada pelas seguintes partes: colmo ereto, folhas alternadas compostas de nós individuais e a última folha chamada folha bandeira. A inflorescência do sorgo é do tipo panícula (cachos), com eixo central, que possui diversas formas (compacta, aberta, grande, pequena), de acordo com a variedade. É uma planta que apresenta flores andróginas, sendo basicamente uma espécie autógama, sua fertilização se inicia no topo da panícula com duração de quatro a cinco dias. Ocorre uma predominância de autofecundação e a taxa de fecundação cruzada varia de 2% a 10 %, o pólen germina imediatamente se entra em contato com estigma receptivo, originando posteriormente as sementes (Olembo et al., 2010; Durães, 2014).

A planta do sorgo pode conter caule seco ou suculento, os quais são divididos em nós e entrenós, os quais são controlados por quatro pares de genes principais (dw1, dw2, dw3 e dw4) (Magalhães et al., 2012).

Com referência ao sistema radicular do sorgo, constitui forma mais extensa, fibrosa e com maior número de pelos absorventes, que tem por função absorção de água e nutrientes. Sua profundidade do sistema radicular chega até 1,5 m (sendo

80% até 30 cm de profundidade no solo), em extensão lateral alcança 2,0 m. O crescimento das raízes em geral termina antes do florescimento, nessa fase a planta passa a priorizar as partes reprodutivas (panículas) as quais apresentam grande demanda por fotoassimilados (Tolentino, 2014).

A resistência do sorgo quanto à seca se deve ao fato de apresentar sistema radicular profundo, ramificado e extenso, o que permite a planta explorar mais volume de solo e ser eficiente na extração da água do solo. Além de possuir a característica bioquímica que permite desacelerar o seu metabolismo fisiológico (hibernar) durante o período com déficit hídrico (Ferreira, 2015).

O ciclo fenológico do sorgo pode ser dividido em três fases: a vegetativa; reprodutiva e a maturação dos grãos. A primeira fase vegetativa, etapa de crescimento da cultura (EC1), se caracteriza pela germinação, aparecimento da plântula, crescimento das folhas e estabelecimento do sistema radicular fasciculado. A segunda fase (EC2), que vai desde a iniciação da panícula até o florescimento, inicia quando o meristema apical se diferencia em meristema floral, que continua com o desenvolvimento da inflorescência e vai até a antese. Durante essa fase há a alongação dos entrenós do colmo e grande expansão das folhas. Finalmente a terceira fase (EC3), que vai da floração a maturação fisiológica, fatores relacionados ao enchimento de grãos e senescência das folhas (Franco, 2011).

2.3. Sorgo Biomassa e Sorgo Sacarino

Dentre as variedades de sorgo existentes, há dois tipos que se destacam quanto ao seu potencial energético no seguimento de coogeração de energia e produção de etanol: sorgo biomassa e sorgo sacarino.

O sorgo biomassa é uma planta de porte alto, com muitas folhas, caule fibroso e com grande capacidade de fornecer energia, apresentando um poder calorífico que chega a 4.500 Kcal Kg⁻¹, valor considerado alto para fins energéticos (Perazzo, 2012). Contudo, apresenta a particularidade de ser sensível ao fotoperíodo conferindo alta produção de biomassa, porte alto (até 6 metros), ciclo de 150 a 180 dias e propagação por sementes com total mecanização no processo de

produção. Outras vantagens típicas desta cultura são: tolerância à seca, facilidade de cultivo, baixo custo operacional e ampla adaptabilidade (Parella et al., 2013).

Sua sensibilidade ao fotoperíodo permite que seu ciclo vegetativo seja ampliado, possibilitando maior produção de biomassa, além disso, essa cultura possui uma das mais elevadas e eficientes taxas fotossintéticas, se apresentando como uma atraente matéria-prima para exploração de energia (Castro, 2014).

A geração de energia termoelétrica a partir do uso de biomassa é uma realidade no setor produtivo brasileiro, muitas delas despertaram o interesse por queima de biomassa, alimentando-se de resíduos de qualquer origem vegetal ou de sorgo biomassa produzido em ambiente intensivo. Atualmente, seu cultivo vem ganhando destaque devido a sua versatilidade como fonte de amido e lignocelulósica, fazendo com que este ocupe uma posição privilegiada como fonte de biomassa adaptável, a obtenção de produtos tradicionais e avançados, bicomustíveis e tecnologias, bem como para os mercados emergentes, como a energia verde e produção de químicos renováveis (Carrillo et al., 2014).

O sorgo sacarino tem como principais características o seu porte, com plantas de altura superior a dois metros, caracterizado, principalmente, por apresentar colmo doce, suculento e com altos teores de açúcares fermentáveis na calda devido à translocação de fotoassimilados para o caule, tendo esse acúmulo iniciado na fase de floração, apresentando picos até a fase de maturação fisiológica, onde a panícula é aberta e produz poucos grãos se comparados ao sorgo granífero (Durães, 2014).

O sorgo sacarino apresenta ampla adaptabilidade à tolerância a estresses abióticos e rapidez no ciclo de produção (100 a 130 dias), seu cultivo é realizado a partir de sementes, seu manejo pode ser totalmente mecanizado e apresenta grande eficiência no uso da água. Atualmente, este tipo de sorgo tem ganhado destaque na agricultura, por ser considerada uma cultura com alto potencial energético, podendo ser utilizada como complemento na entressafra canavieira de forma a reduzir a instabilidade do mercado de etanol no Brasil, (Castro, 2014 e Giacomimi, 2013). Além disso, o bagaço do sorgo sacarino pode ser utilizado também na produção de etanol de segunda geração, por apresenta poder calorífico equivalente ao bagaço de cana, sendo bastante eficiente na cogeração de energia (May et al., 2013).

A planta não apresenta proteção para sementes, como por exemplo, o milho

que tem a palha ou as glumas do trigo e da cevada, assim a planta de sorgo sintetiza vários compostos fenólicos, que servem como defesa química contra pássaros, patógenos e outros competidores (Magalhães et al., 2000).

2.4. Sintomatologia e condições de desenvolvimento da mancha-de-ramulispora

O patógeno *Ramulispora sorghi* pertencente ao Reino *Fungi*, que são associados às doenças que ocasionam manchas foliares, pertencentes à Classe das *Leotiomycetes*; Filo *Ascomycota*; Ordem *Helotiales* e da Família *Hyaloscyphaceae* (Olive et al., 1946).

A mancha-de-ramulispora é uma doença de grande importância nos maiores produtores de sorgo no mundo, como a China e Estados Unidos. No entanto na Argentina, conforme relatado por Cúndom et al. (2016), observou-se ocorrência da *R. sorghi* em cultivos de sorgo granífero durante a safra 2012/2013, com incidência de aproximadamente 80% em plantio suscetível ao patógeno.

Considerada uma doença de importância secundária em plantios de sorgo no Brasil, tem sido eventualmente detectada, em alguns casos, com alta incidência (Ferreira et al., 2007). Em pesquisa desenvolvida pela Embrapa observou aumento da incidência da doença em sorgo, em caso de severidade relativamente alta (Da Silva et al. (2013). Semelhantemente verificou-se através do primeiro relato por Silva et al. (2014), ocorrência em plantios de sorgo nos últimos anos na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia da Unemat, Cáceres-MT.

As condições climáticas têm grande influência no desenvolvimento do patógeno, ele é favorecido por alta umidade relativa e altas temperaturas. Sabe-se que o vento e a chuva são importantes disseminadores deste inoculo inicial que pode infectar plantas saudáveis, porém as condições de propagação da doença ainda são pouco conhecidas (Thomas et al., 1993; Bandyopadhyay, 2000).

Os sintomas iniciais da doença mancha-de-ramulispora são pequenas manchas circulares de formato elíptico, de coloração marrom-avermelhada ou castanha, com um halo amarelo nas folhas e bainhas. Estas manchas tornam-se

lesões necróticas alongadas de 5 a 14 cm de comprimento e 1 a 2 cm de largura, circundadas por um halo amarelado ocasionando o envelhecimento no centro das lesões reveladas pela coloração de cor palha, que escurece e a torna acinzentada com pontos negros, constituídos por escleródios na superfície das lesões, dando-lhes aspecto fuliginoso. As lesões podem se desenvolver e produzir extensas áreas necróticas nas folhas, que podem resultar em morte prematura da planta (Williams et al., 1978; Bandyopadhyay, 2000; Ferreira et al., 2007).

Os microescleródios, que aparecem sobre a superfície das lesões, são estruturas de resistência do patógeno, e servem como importante meio de sobrevivência nas folhas ou abaixo da superfície do solo. Quando as condições ambientais se tornam favoráveis, estes podem germinar produzindo esporodóquios e conídios em grande quantidade (Brady et al., 2011).

Os conídios são produzidos individualmente nas pontas dos conidióforos em uma massa gelatinosa, que variam de 2-3 x 36-90 µm, são hialinos de formatos filiformes e curvos que possuem de 3 a 8 septos e 1 a 3 ramificações laterais que podem ser septados ou não (Girard, 1978).

O controle da mancha-de-ramulispóra pode ser realizado por meio do sistema de rotação de culturas e da destruição das folhas infectadas, sendo que essas medidas reduzem a presença do inóculo primário (Da Silva et al., 2013). Porém, outra forma mais eficaz para prevenir ou reduzir a doença é o plantio de cultivares resistentes nas regiões onde o patógeno é favorecido, porém, para *Ramulispóra sorghi*, poucos estudos com cultivares comerciais têm sido desenvolvidos. Tal fato está relacionado à ocorrência da doença no país, onde, até então, surgia em baixa intensidade e severidade, e à escassez de informações sobre o patógeno, no que diz respeito principalmente a sua variabilidade e a tipos de resistência (Ramos et al., 2012).

2.5. Melhoramento genético na cultura do sorgo e análises genéticas

Países como México, Nigéria, Índia, EUA e Sudão são os maiores produtores de sorgo no mundo, responsável por 66% da produção mundial de sorgo, investem muito em programas de melhoramento da cultura de sorgo em todo o

mundo. As primeiras pesquisas realizadas no programa de melhoramento do sorgo foram feitas pelos EUA, baseando largamente na seleção de mutações e cruzamentos naturais, em meados de 1914, dando início a todos os programas de melhoramento da cultura do sorgo em todo o mundo (Maxiagro, 2010).

Para qualquer início de programa de melhoramento genético depende do BAG (Banco Ativo de Germoplasma), que é uma grande coleção de acessos genéticos e objetiva manter, conhecer e usar a diversidade genética das culturas agrícolas. É no BAG que os pesquisadores selecionam os acessos que, cruzados seguidas vezes e acompanhados os cruzamentos no campo, constituirão novas cultivares (Diniz, 2010).

A escolha de cultivar mais adequada é um aspecto fundamental para o estabelecimento de um sistema de produção mais eficaz. A eficiência na escolha de materiais genéticos pode ser feita pela observação de um conjunto de informações para a cultura dentro de cada região, como adaptação à região; potencial produtivo; estabilidade de produção; tolerância a doenças (principalmente em plantio direto), inclusive quanto à sanidade dos grãos; resistência ao acamamento de colmo e de raiz; ciclo; características dos grãos—textura, coloração e teor de tanino dentre outras características (Tsunechiro et al., 2002).

Pesquisas estão sendo desenvolvidas no Brasil, pela Embrapa Milho e Sorgo voltado para a obtenção de variedades de sorgo de alta qualidade, com alto potencial de grãos e com resistência genética. Dentre algumas dessas doenças que afetam a cultura do sorgo, pode-se citar a mancha-de-ramulispóra, tem sido eventualmente detectada, em alguns casos, com alta incidência em algumas regiões no Brasil, onde o patógeno apresenta dispersão facilitada pelo vento e pela chuva para as folhas novas de outras plantas, em áreas infectadas sua sobrevivência é tardia.

Estudos desenvolvidos com genótipos de sorgo têm buscado a resistência genética a mancha-de-ramulispóra, conforme Ramos et al. (2012), avaliando 24 genótipos de sorgo entre híbridos e linhagens parentais, obteve os híbridos (BRS 330 e BRS 332) como resistentes e as linhagens (CMSXS 180 e CMSXS 223) com potencial para serem utilizadas como fonte de resistência.

Guedes et al. (2013), avaliando 23 genótipos de sorgo, entre híbridos graníferos e forrageiros e suas linhagens parentais os genótipos (BRS655, CMSXS

222, CMSXS 233, BRS 330, CMSXS 180) apresentaram maior níveis de resistência e a linhagem CMSXS 180 apresenta potencial para ser utilizada como fonte de resistência.

Brady et al. (2011), avaliando 25 genótipos de sorgo suscetíveis, quanto a intensidade de produção de microescleródios do fungo *Ramulispora sorghi*, observaram que as características estruturais e a capacidade de produção de esporos são específicos de cada genótipos.

Portanto o controle de doenças através da resistência genética são uma das medidas mais importantes de controle de doenças em sorgo, visto que é um método de controle economicamente viável e de fácil utilização (Cota et al.,2013).

2.6. Resistência Genética e Interação Patógeno Hospedeiro

O termo resistência pode ser conceituado como “a habilidade que um organismo possui de se defender ou se opor à ação de um fator prejudicial ou patogênico”. Esta ampla definição inclui tanto o efeito a planta no atraso do desenvolvimento do patógeno, como a capacidade que a planta tem de funcionar normalmente apesar de altos níveis da doença (Alexandre, 1993).

A resistência de plantas em relação ao ataque de patógenos depende tanto da constituição genética do patógeno quando a do hospedeiro (Santos, 2003). Dentro do manejo integrado, a resistência genética dos cultivares é um importante componente por ser uma tecnologia de baixo custo, efetiva e, conseqüentemente, fácil de ser adotada pelos agricultores, além de reduzir a contaminação do meio ambiente causada pelo uso indiscriminado de defensivos agrícolas (Pereira et al., 2008).

Segundo Van Der Plank (1963), a resistência pode ser classificada de acordo com sua efetividade contra raças do patógeno, onde temos a resistência vertical que é efetiva contra uma ou algumas raças do patógeno, e a resistência horizontal que é efetiva contra todas as raças de um determinado patógeno.

No que se refere ao controle genético, na maioria dos casos, a resistência vertical é do tipo monogênica é de curta duração, o que confere ao patógeno a capacidade de quebrá-la, quando aparecem ou são introduzidas novas raças para

as quais os cultivares não tem resistência. A resistência vertical age no sentido de reduzir a quantidade de inóculo inicial, por ser eficiente apenas contra uma ou algumas raças do patógeno, fazendo com que o início da epidemia seja retardada. Já a resistência horizontal é do tipo poligênica e, de forma geral, parece ser mais durável, pois ela se mantém mesmo com o aparecimento de novas raças do patógeno, uma vez que, permite a redução da taxa de desenvolvimento da doença, sem afetar significativamente o inóculo inicial (Kimati et al., 1997; Beshpalhok et al., 2007).

O fato de uma cultivar apresentarem resistência horizontal não significa que ele não tenha resistência vertical e vice-versa. Também não implica que os genes responsáveis por este tipo de resistência pertençam a classes distintas. Da mesma maneira, raças agressivas também podem apresentar virulência e vice-versa (Michereff, 2001).

Os avanços da genética e epidemiologia têm proporcionado melhor entendimento das relações planta/patógeno, ficando evidente que esse tipo de relação envolve fatores genéticos de ataque e defesa, presentes no patógeno e no hospedeiro, respectivamente, sob a influência do ambiente (Flor, 1971).

As interações entre as plantas e os patógenos podem ser agrupadas em compatíveis, quando o hospedeiro é suscetível e o patógeno é virulento, ou incompatíveis, quando o hospedeiro é resistente e o patógeno é avirulento (Lindsay et al., 1993).

Apesar de, normalmente, as plantas serem resistentes à maioria dos patógenos, por apresentarem amplo arranjo de componentes constitutivos de defesa em bloquearem fisicamente a entrada de microrganismos, muitas plantas cultivadas são suscetíveis a um determinado número de patógenos capazes de causar enormes perdas na produtividade. Além da constante coevolução patógeno/hospedeiro, particularmente em face da pressão de seleção exercida pela monocultura, existe também a possibilidade de que interações incompatíveis planta/patógeno evoluam para interações compatíveis (Chasan, 1994).

2.7. Métodos Multivariados

A análise de variância é um procedimento que visa fundamentalmente, verificar se existe diferença significativa entre as médias dos tratamentos e se os fatores exercem influência em alguma variável dependente. Fatores esses que podem ser de origem quantitativa ou qualitativa, mas a variável dependente deverá ser necessariamente contínua, permitindo que vários grupos sejam comparados ao mesmo tempo (Montgomery, 2008).

Este tipo de análise consiste na avaliação simultânea de vários caracteres e permite diferentes abordagens sobre os dados analisados, possibilitando esclarecer tanto a relação quanto o efeito de cada variável separadamente (Coimbra et al., 2007). Vários métodos multivariados podem ser empregados dentre os quais se destacam os métodos de agrupamento e variáveis canônicas. A escolha do método mais adequada tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados são obtidos (Cruz e Carneiro, 2003).

Dentre os métodos de agrupamento mais comumente utilizados no melhoramento de plantas, citam-se os hierárquicos e os de Otimização. Nos métodos hierárquicos, o agrupamento dos genitores é realizado por meio de um processo que se repete em vários níveis até que seja construído o dendrograma (Cruz et al., 2004).

Dentre os métodos que vêm sendo utilizado podem-se destacar o UPGMA que é um método de agrupamento com base na média aritmética e não considera a estrutura de subdivisão do grupo, dando pesos iguais a cada indivíduo do grupo e calcula a similaridade média de um indivíduo que pretende se juntar aos grupos já existentes (Meyer, 2002). A distorção produzida no processo de agrupamento é estimada por um coeficiente de correlação cofenética (CCC) proposto por Sokal e Rohlf (1962). Este coeficiente é determinado como bom, quando o mesmo apresenta valores iguais ou superiores a 0,7, demonstrando concordância entre os valores originais da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética (Cruz e Carneiro, 2006).

Entre os métodos de Otimização, o método de Tocher é o mais empregado pelos melhoristas. Esse método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade,

onde se assume que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que a distância média entre os grupos (Cruz e Regazzi, 1997; Cruz et al., 2004).

Esses métodos de análises multivariadas têm sido amplamente empregados por vários autores com intuito de avaliar a resistência genética em diferentes culturas: Sudré (2003); Bertan et al. (2006); Aguilera (2007); De Souza et al. (2012); Tschurtschenthaler et al. (2012); Souza et al. (2013); Ambrósio (2013); Preisigke (2014); Moreira (2015) e Lima (2016). Este tipo de análise permite uma maior visualização do comportamento dos genótipos em relação à reação do patógeno em determinado estudo.

Em estudo realizado por Sudré (2003), avaliando a resistência à mancha bacteriana em *Capsicum* spp, observou que os métodos de agrupamentos UPGMA e projeção das distâncias no plano, foram concordantes entre si e permitiram concluir quais os acessos analisados são divergentes e possuem variabilidade genética.

Bertan et al. (2006), avaliando a eficiência de três diferentes métodos de agrupamento, estimado por meio de caracteres morfológicas entre 19 genótipos de trigo em RS, observou que a utilização conjunta dos três métodos de agrupamento, possibilitou uma inferência mais segura daqueles genótipos que devem ser empregados como genitores em programas de melhoramento genético.

Aguilera (2007), avaliando 96 acessos da espécie *Lycopersicon esculentum* Mill, quanto sua Tolerância ao *geminivirus Tomato yellow spot virus*, observou que os acessos foram agrupados em dois grupos, sendo que o grupo I foi alocado por apenas um acesso, sendo este classificado como o mais divergente dos acessos testados e grupo II alocaram os demais acessos.

Tschurtschenthaler et al. (2012), avaliando a variabilidade genética da ferrugem-asiática-da-soja no Brasil, por meio de marcadores microsatélites, empregou-se de técnicas multivariadas, onde observou variabilidade genética entre as populações coletadas nas três regiões, e a existência de variabilidade genéticas em populações do fungo *Phakopsora pachyrhizi*.

Souza et al. (2013), avaliando a divergência genética entre 10 cultivares de cana-de-açúcar quanto à resistência a *Diatraea saccharalis*, por meio de técnicas multivariadas, observou a alocação dos cultivares em cinco grupos distintos, onde

destacou a Cultivar CTC 15 como a mais suscetível a *D. saccharalis*, enquanto a cultivar SP87-365 comportou-se como moderadamente resistente.

Ambrósio (2013), avaliando a resistência de diferentes genótipos de *Phaseolus vulgaris* L, em teste sem ou com chance de escolha em 34 genótipos de feijoeiro, no município de Cáceres-MT, foi possível classificar os genótipos de acordo com o tipo de resistência, os considerados resistente, moderadamente resistentes, os suscetíveis e os mais suscetíveis.

Preisigke (2014), avaliando a resistência genética entre 14 espécies de passiflora aos fungos *Fusarium solani* e *Fusarium oxysporum* f, sp, no município de Cáceres-MT, empregou-se de análise multivariadas para selecionar genótipos que apresentam maior resistência, onde pode constatar que existe variabilidade entre as espécies de *Passiflora* estudada, e destacou as espécies *P. nítida* com resistência em ambos experimentos realizados.

Moreira (2015), estudando a resistência a mancha- bacteriana em espécies de *Capsicum annum* em Campos dos Goytacazes – RJ, observou que o método de agrupamento, reuniu os genótipos em dois grupos distintos, permitindo assim uma melhor diferenciação das linhagens recombinadas que apresentaram resistências em ambos os métodos avaliados.

2.7.1. Associação entre caracteres

Os estudos de correlações têm grande importância em programas de melhoramento, principalmente quando a seleção de um caráter desejável apresenta dificuldades por se tratar de um caráter de baixa herdabilidade e/ou problemas de medição e identificação. A correlação simples permite avaliar a magnitude e o sentido das relações entre dois caracteres, sendo de grande utilidade no melhoramento, por permitir avaliar a viabilidade da prática da seleção indireta, que, em alguns casos, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção de caráter desejado (Cruz, 2006).

A correlação de Pearson tem sido amplamente empregada para medir o grau da correlação entre duas variáveis, selecionar aquelas características que possuem uma maior contribuição. Nesse contexto este método tem sido

amplamente empregado por vários autores com intuito de selecionar características desejáveis em diferentes culturas: Couto et al. (2002); Chaves et al. (2004); Pedrosa et al. (2004); Lima (2013); Ramos et al. (2014) e Santos (2015).

Em estudos realizados por Ramos et al. (2014), avaliando a resistência de 23 genótipos de sorgo entre híbridos granífero e forrageiro, por meio da inoculação de dois isolados de *Ramulispora sorghi*, conduzidos na Embrapa Milho e Sorgo, em Sete Lagoas-MG, empregou-se a correlação de Pearson, para verificar a relação entre as variáveis avaliadas, onde observou que houve alta correlação positivas entre as variáveis período de incubação, período de latente e severidade da doença.

Couto et al. (2002), estudado a patogenicidade e diferenciação de isolados de *Colletotrichum musae* em banana, observaram correlações positivas e altas entre as atividades amilolítica e o tamanho das lesões, indicando que a atividade amilolítica se correlacionaram com a agressividade do patógeno.

Santos (2015), avaliando clones 35 clones de cacau que apresentam características agrônômicas desejáveis de resistência à vassoura de bruxa, foi observado correlação significativa positiva e altamente significativa entre o comprimento e largura das lesões e número de peritécios e comprimento das lesões.

Chaves et al. (2004), avaliando a estimativa de componentes de resistência genética em 31 genótipos e aveia branca, em que observou que as correlações entre os componentes de resistência foram geralmente baixas e as correlações mais altas foram observadas entre a eficiência de infecção, comprimento de pústulas, período de latência e entre comprimento de pústulas sendo essas associações ambas negativas.

Lima et al. (2013), caracterizando população de 16 isolados *Lasiodiplodia theobromae*, quanto ao crescimento e esporulação em dois experimentos em diversos hospedeiros nos estados do Ceará, Maranhão e Piauí, empregou-se do método de correlações de Pearson, em que observou correlações positivas entre a taxa de crescimento micelial e a média do comprimento das lesões, onde esses dados de caracterização morfológica revelaram diversidade na população do patógeno.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizados dois experimentos, utilizando 17 genótipos de sorgo (oito sacarino e oito biomassa e uma testemunha), para verificar a reação destes quanto à ocorrência a dois isolados (ISO1 Embrapa e ISO2 Unemat). Os experimentos foram realizados na casa de vegetação do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), localizado na Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT) em Cáceres – Mato Grosso, nas coordenadas 16°07'66" e 57°65'29" longitude (IBGE, 2016).

Um dos isolados foi obtido da micoteca proveniente da Empresa brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro Nacional de Pesquisa em Milho e Sorgo (Embrapa ISO1) e o outro isolado da Universidade do Estado de Mato Grosso (Unemat ISO2), proveniente do Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia (LRG&B), a partir de folhas com sintomas típicos da doença coletados em campo.

3.1. Material experimental

Os genótipos de sorgo sacarino e biomassa, utilizados neste experimento foram oriundos da Embrapa, Centro Nacional de Pesquisa em Milho e Sorgo, situada em Sete Lagoas – MG.

Os genótipos de sorgo sacarino são: Sugargraze (1); CV198 (2); BRS506 (3); BRS508 (4); BRS505 (5); BRS511(6); BRS509 (7) e CV568 (8).

Os genótipos de sorgo Biomassa são: 201429B015 (9); 201429B021 (10); 201429B022(11); 201429B023 (12); 201429B029 (13); 201429B030 (14); 201429B024 (15); 201429B033 (16) e Testemunha suscetível BRS505 (17).

3.2. Instalação e condução do experimento

3.2.1. Área experimental e condução do experimento

Os experimentos foram instalados em delineamento inteiramente casualizado (DIC) com três repetições e uma testemunha, para avaliar a reação dos isolados nos genótipos de sorgo. Os genótipos foram semeados em vasos de plásticos, de 40 cm altura e 50 cm de diâmetro, uma quantidade de cinco sementes, contendo substrato da marca Topstrato HT Hortaliças®. Após a emergência e o estabelecimento das plantas, procedeu-se o desbaste mantendo-se três plantas por vaso. Durante os estágios de 20 dias de crescimento das plantas, procedeu-se aplicação de adubação de macro nutrientes, sendo 50g do formulado mineral 20-05-20 N - P₂O₅ - K₂O₂ dissolvido em 2 litros de água, onde cada vaso recebeu em sua superfície 50mL da solução, de acordo com a recomendação da cultura.

3.2.2. Inoculação dos Isolados

Para produção de inóculo, os isolados monospóricos de *R. sorghi* foram repicados e cultivados em meio Farinha de Aveia-Agar (FAA) e incubados em câmara de crescimento a 27 °C e fotoperíodo de 12 horas por 10 dias até a formação de esporos. Após a esporulação, foi preparada uma suspensão por meio de adição de água estéril na placa e de raspagem superficial da colônia fúngica para a liberação dos conídios. A contagem dos conídios foi realizada com auxílio de câmara de Neubauer a uma concentração da suspensão ajustada para 1x10⁶ esporos/mL⁻¹.

Vinte oito dias após o plantio, as plantas foram inoculadas por meio de aspersão da suspensão de conídios nas folhas, totalizando 10 mL/vaso, com o auxílio de um pulverizador manual. Após a inoculação, as plantas foram mantidas em câmara úmida constituída por um saco plástico, pelo período de 18 horas, com o intuito de formar uma câmara úmida para favorecer o processo de infecção das plantas, com a temperatura de 26 ±2 °C (Figura 1) e umidade relativa de aproximadamente 70 ±5% (Figura 2).

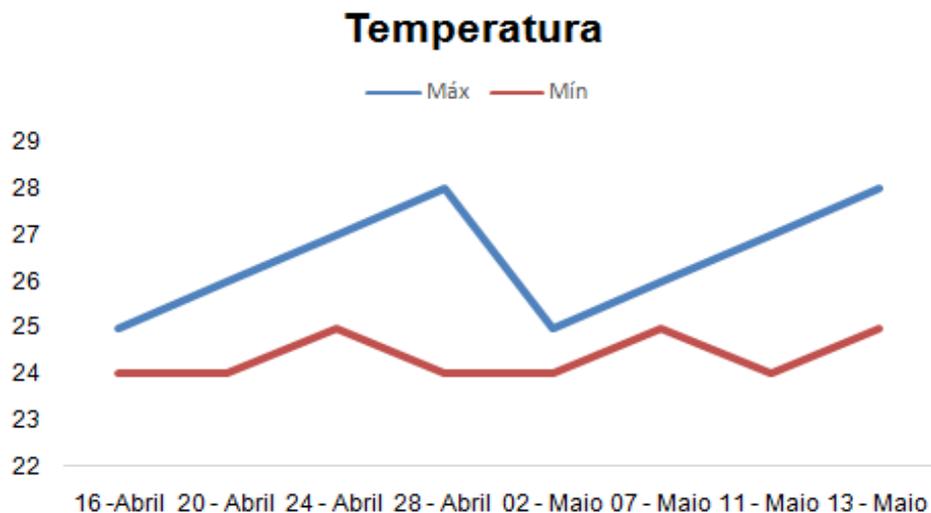


Figura 1 – Temperatura máxima e mínima em °C do período de 16 de abril de 2016 a 13 de maio de 2016 em casa de vegetação em Cáceres - Mato Grosso.

Através da Figura 1 observa-se que a temperatura apresentou variação de 23,5 °C a 28 °C entre os meses de Abril de 2016 a Maio de 2016.

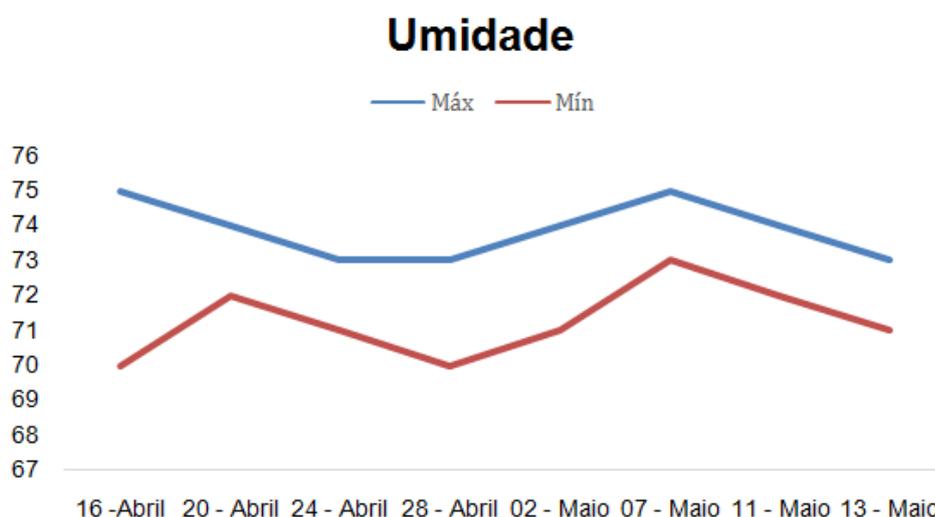


Figura 2 - Umidade máxima e mínima em % do período de 16 de abril de 2016 a 13 de maio de 2016 em casa de vegetação em Cáceres - Mato Grosso.

Através da Figura 2 observa-se que a umidade apresentou variação de 70% a 75% entre os meses de Abril e Maio de 2016.

3.2.3 Variáveis analisadas entre os genótipos de sorgo quanto à reação ao fungo *Ramulispora sorghi*

Após o aparecimento dos primeiros sintomas da doença, os genótipos foram analisados através de dez variáveis de comportamento dos mesmos quanto à reação aos isolados de *R. sorghi*. As plantas de todas as repetições foram avaliadas diariamente considerando-se sendo elas: severidade escala de notas (AACPD); comprimento e largura das lesões que foram avaliadas aos 10, 14 e 18 dias (CL1; CL2; CL3 e LL1; LL2; LL3); área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão (AACEAL); período de incubação (PI) e período de latência (PL), conforme descritas a seguir:

3.2.3.1. Área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD)

A avaliação foi realizada considerando-se cada vaso como minha parcela, atribuindo-se notas através da escala diagramática proposta pela Agrocere (1996), variando de 1 a 9 sendo: 1 - 0%; 2 - 1%; 3 - 10%; 4 - 20%; 5 - 30%; 6 - 40%; 7 - 60%; 8 - 80%; 9 - > 80% de severidade. Esta escala é utilizada para avaliar helmintosporiose em de milho, porém foi utilizada neste trabalho devido os sintomas da helmintosporiose apresentarem características próximas ao das lesões da mancha-de-ramulispora e por não ter uma escala específica para este patógeno.

Foram realizadas quatro avaliações semanais com intervalo de sete dias. Para o cálculo da AACPD foi utilizada a equação proposta por (Shaner e Finney, 1977).

$$AACPD = \sum [(Y_{i+n1} + Y_i) / 2] [t_{i+1} - t_i], \text{ onde:}$$

Y_i = é a severidade da doença na i -ésima observação;

t_i = o tempo em (dias) na i -ésima observação; e

n = é o número total de observações.

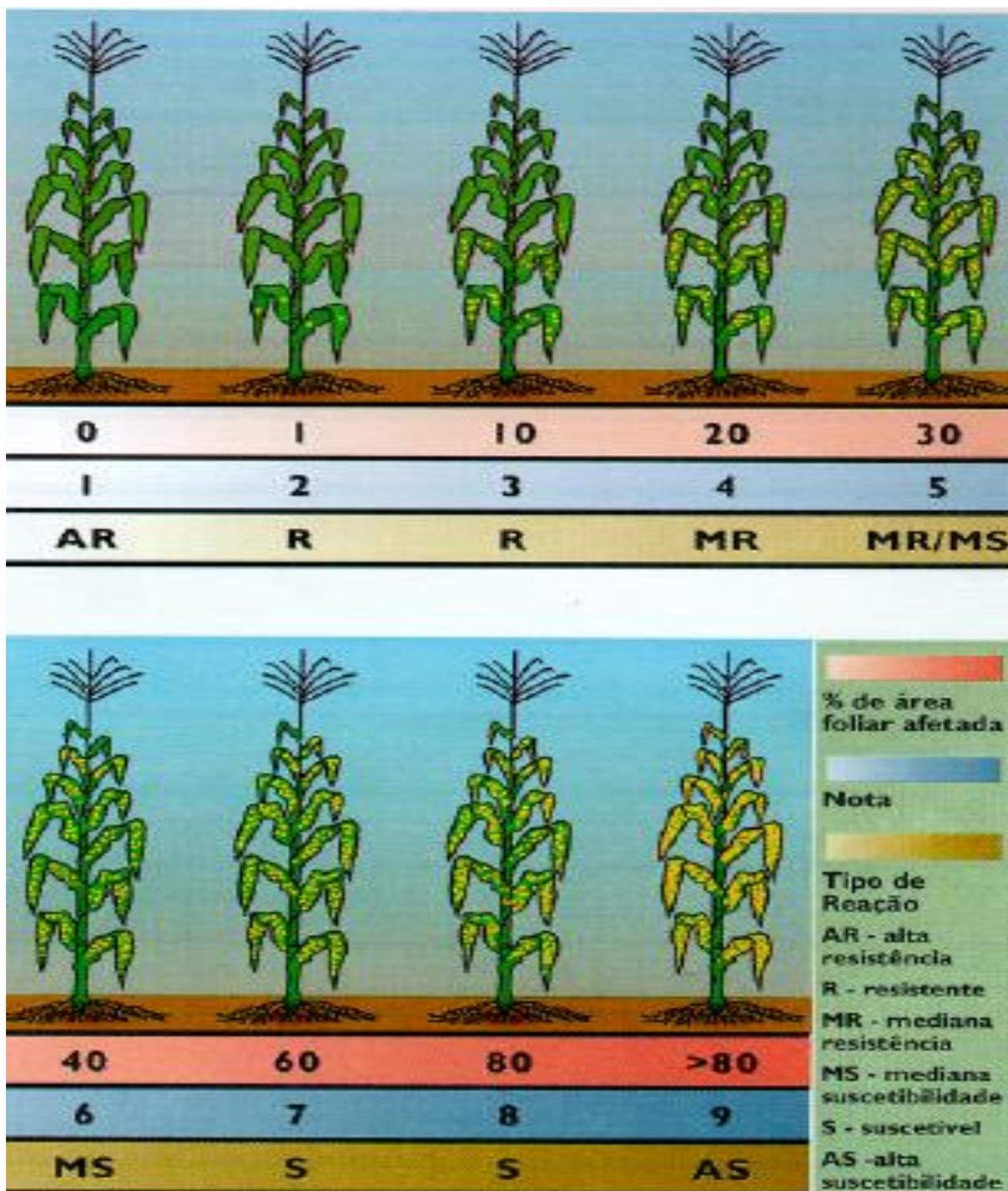


Figura 3 - Escala diagramática para avaliação da severidade *Phaeosphaeria maydis* em culturas de milho, adaptado de Agroceres (1996).

3.2.3.2. Comprimento e Largura das lesões (CL1; CL2; CL3 e LL1; LL2; LL3)

A partir do surgimento das lesões, cerca de 10 dias após a inoculação (DAI) dos isolados, escolheram-se aleatoriamente três lesões em cada vaso que apresentavam os sintomas característicos da doença, a maioria na terceira folha expandida, as quais foram identificadas para avaliações sequenciais do seu tamanho. As lesões foram mensuradas três vezes aos 10, 14 e 18 dias sendo elas:

CL1- comprimento da lesão da primeira medição; CL2- comprimento da lesão da segunda medição; CL3- comprimento da lesão da terceira medição e LL1- largura da lesão da primeira medição; LL2- largura da lesão da segunda medição; LL3- largura da lesão da terceira medição. Foi utilizado um paquímetro para efetuar as medições.

3.2.3.3. Área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão (AACEAL)

Após as medições do comprimento e largura das lesões, calculou-se a área lesionada (AL , mm^2) estimada considerando-se a fórmula para o cálculo da área de uma elipse ($\pi \cdot C \cdot L / 4$), onde C é o comprimento da lesão e L é a largura da lesão. Depois da obtenção desses dados procedeu-se o cálculo da área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão (AACEAL). Onde o cálculo dessa variável foi com base na equação proposta por Shaner e Finney (1977).

$$AACE^* = \sum_{i=1}^{n-1} [(Y_i + Y_{i+1}) / 2] (t_{i+1} - t_i)$$

Onde:

n = é o número de avaliações;

$t_{i+1} - t_i$ = é o intervalo entre duas avaliações; e

Y_i e Y_{i+1} = são duas avaliações consecutivas realizadas nos tempos t_{i+1} e t_i ;

Para o cálculo da AACEAL Y_i e Y_{i+1} foram considerados os valores da AL observados nas três avaliações consecutivas.

3.2.3.4. Período de Incubação (PI)

As plantas foram examinadas diariamente, a fim de observar o desenvolvimento dos primeiros sintomas da doença. Foi considerado o número de dias após a inoculação até o aparecimento dos primeiros sintomas.

3.2.3.5. Período de Latência (PL)

Diariamente as plantas foram observadas considerando o tempo em dias decorridos da inoculação até a esporulação, com o auxílio de uma lupa (10x aumento).

3.3. Análises estatísticas

3.3.1. Análise de variância univariada

Os dados obtidos para cada característica foram submetidos à análise de variância, para verificar a existência de variação entre os genótipos de sorgo avaliados em delineamento inteiramente casualizados, com três repetições.

Para o delineamento inteiramente casualizados o modelo estatístico é dado por:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor do tratamento i na repetição j ;

m : média geral;

g_i : efeito do genótipo i , $i = 1, 2, \dots, l$;

ε_{ij} : erro experimental associado à parcela ij .

O esquema da análise de variância quando se tem uma única testemunha, do modelo estatístico são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 - Análise de variância das características analisadas

FV	GL	SQ	QM	F
Tratamentos	a-1	SQT	QMT	QMT/QMR
Genótipos	g-1	SQG	QMG	QMG/QMR
Gen.vs.Test.	1	SQGvsTe	QMGr	QMGr/QMR
Resíduo	n-T	SQR	QMR	
Total	n-1	SQTo		

m : média geral; m_g : média dos genótipos; e m_t : média das testemunhas.

3.3.2. Comparação entre médias

Foi utilizado o teste Tukey (1977), em nível de significância de 5% de probabilidade.

3.3.3. Correlação simples de Pearson

O coeficiente de correlação de Pearson, representado por “ ρ ” assume apenas valores entre -1 e 1.

Onde:

$\rho = 1$: significa uma correlação perfeita positiva entre as duas variáveis;

$\rho = -1$: significa uma correlação negativa perfeita entre as duas variáveis - isto é, se uma aumenta, a outra sempre diminui;

$\rho = 0$: significa que as duas variáveis não dependem linearmente uma da outra. No entanto, pode existir uma dependência não linear. Assim, o resultado $\rho = 0$ deve ser investigado por outros meios.

A fórmula do coeficiente de correlação de Pearson está evidenciada na seguinte expressão:

$$\rho = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \cdot \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}} = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\sqrt{\text{var}(X) \cdot \text{var}(Y)}}$$

A análise de correlação indica a relação entre duas variáveis lineares e os valores sempre serão entre +1 e -1, O sinal indica a direção, se a correlação é positiva ou negativa, o tamanho da variável indica a força da correlação, interpretando ρ (Franzblau, 1958):

Se $|\rho| < 0,20$, a correlação é negligenciável;

Se $0,20 < |\rho| < 0,40$, a correlação é fraca;

Se $0,40 < |\rho| < 0,60$, a correlação é moderada;

Se $0,60 < |\rho| < 0,80$, a correlação é forte;

Se $|\rho| > 0,80$, a correlação é muito forte.

3.3.4. Análise multivariada

A análise multivariada com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis* (D_{ii}^2), foi utilizada para avaliar a reação dos genótipos entre os tratamentos, empregando-se análises de agrupamento, pelos métodos de Otimização de Tocher (Rao, 1952), pelo programa computacional Genes (Cruz, 2016), o de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA), pelo programa R.

3.3.4.1. Distância generalizada de Mahalanobis

As estimativas da distância generalizada de *Mahalanobis* (D_{ii}^2) são obtidas através da expressão:

$$D_{ii}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

em que:

D_{ii}^2 : distância de *Mahalanobis* entre os genótipos i e i' ;

ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

δ : $[d_1 \ d_2 \dots \ d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} = média do i -ésimo genótipo em relação ao j -ésimo caráter.

3.3.4.2. Análise de agrupamento

Os genótipos foram agrupados seguindo os critérios de dissimilaridade pelo método de Otimização de Tocher utilizando o programa computacional GENES (Cruz, 2013) e pelo método Hierárquico de agrupamento médio entre grupos (UPGMA), Projeção de distância no plano, através do programa computacional R (R Development Core Team 2016).

3.3.4.3. Método de Otimização de Tocher

O método de Otimização de Tocher foi realizado utilizando a matriz de distância de *Mahalanobis*. Este método segue como critério de inclusão de que a média das medidas de dissimilaridade, dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (Cruz, 2006). O valor máximo da distância dentro do grupo (θ) pode ser estabelecido arbitrariamente. A inclusão de um grupo é aceita quando:

$$\frac{d_{(ij)k}}{n} \leq \theta$$

Considerando que:

$$d_{(ij)k} = d_{ij} + d_{jk}$$

em que:

$d_{(ij)k}$ = distância entre o grupo ij o genótipo k;

d_{ik} = distância entre o genótipo i e k;

d_{jk} = distância entre o genótipo j e k.

3.3.4.4. Método hierárquico de UPGMA

O método hierárquico UPGMA, por se tratar de um método de agrupamento não ponderado, realiza a distribuição dos indivíduos no dendrograma sem seguir um critério de formação de grupos, uma vez que o principal aspecto desse método consiste nas ramificações ou diagramas que são obtidos. Os genótipos avaliados são agrupados aos pares, utilizando médias aritméticas da dissimilaridade. O dendrograma prioriza os indivíduos mais similares, os quais são reunidos, formando grupo inicial, a partir daí calcula-se as distâncias entre um indivíduo k e um grupo formado pelos indivíduos i e j por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

onde, $d_{(ij)k}$ é dado pela média das distâncias dos pares de indivíduos (i e k) e (j e k), gerando uma nova matriz com esses valores reduzindo a dimensionalidade passo a passo. Com a construção do dendrograma, novas distâncias serão estimadas, de forma que, se um genótipo k for incorporado a um grupo (ij), a distância deste novo grupo (ij,k) em relação ao genótipo (l) ou a outro grupo (lm), dado por:

$$d_{(ij.k)l} = \frac{d_{il} + d_{jl} + d_{kl}}{3}$$

e

$$d_{(ij)lm} = \frac{d_{il} + d_{im} + d_{jl} + d_{jm} + d_{kl} + d_{km}}{6}$$

3.3.4.5 Coeficiente de correlação cofenética

Esta técnica é realizada após a obtenção do dendrograma, onde se tem uma nova leitura da dissimilaridade ou similaridade entre os genótipos avaliados, em que são estabelecidos novos coeficientes de semelhança que podem ser utilizados na formação de uma nova matriz de dissimilaridade, que é chamada de matriz de coeficientes de semelhança cofenéticas.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) é uma das formas de se verificar a concordância entre a matriz de similaridade original e a matriz resultante da simplificação proporcionada pelo método de agrupamento (matriz cofenética C).

Segundo Cruz e Carneiro (2003), após a formação do dendrograma uma possível simplificação dos dados originais pode ocorrer, gerando algumas distorções sobre o padrão de dissimilaridade entre os indivíduos estudados, fazendo-se necessário julgar a adequação dos resultados, que constitui a etapa final do processo de agrupamento.

A adequação dos resultados é realizada por meio do coeficiente de correlação cofenética (CCC) proposto por Sokal e Rohlf (1962). O CCC é um coeficiente de correlação produto momento que quantifica a concordância entre os valores originais da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz Cofenética (Cruz e Carneiro, 2006).

De acordo com a expressão proposta por Bussab et al. (1990).

$$CC = \frac{\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})(d_{ij} - \bar{d})}{\left(\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})^2 \right)^{\frac{1}{2}} \left(\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (d_{ij} - \bar{d})^2 \right)^{\frac{1}{2}}}$$

em que:

$$\bar{c} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n c_{ij},$$

$$\bar{d} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n d_{ij}$$

c_{ij} = é o valor da distância entre os indivíduos i e j na matriz cofenética;

d_{ij} = é o valor da distância entre os mesmos indivíduos na matriz original de distâncias; e

n = é a dimensão da matriz.

O coeficiente de correlação cofenética, varia entre 0,0 e 1,0 e quanto maior o valor obtido para o CCC, menor será a distorção provocada pelo agrupamento dos indivíduos. Dessa forma, Monteiro et al. (2010) ressalta que quanto mais próximo da unidade, melhor a representação da matriz de dissimilaridade na forma de dendrograma.

Sokal e Rohlf (1962) consideram os ajustes do coeficiente de correlação cofenética bom, quando o mesmo apresenta valores $\geq 0,8$. Estes resultados indicam que houve um bom ajuste entre as matrizes originais de distâncias e as distâncias da matriz cofenética, isto é, quanto maior o CCC, menor a distorção provocada ao agrupar os genótipos.

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

4.1 *Ramulispora sorghi* – ISO1 Embrapa

4.1.1 Análise de variância univariada

Na Tabela 2, encontram-se os resultados provenientes da análise de variância do delineamento inteiramente casualizado para as dez variáveis analisadas. Foram observadas diferenças significativas ao nível de ($p < 0,01$) pelo teste F para os tratamentos, genótipos e entre genótipos x testemunha, para as variáveis: comprimento da lesão da 1^o medição (CL1), comprimento da lesão da 2^o medição (CL2), comprimento da lesão da 3^o medição (CL3) e largura da lesão da 3^o medição (LL3), já ao nível de ($p < 0,05$) para área normatizada da abaixo da curva de expansão da área da lesão (AAACEAL).

A variável área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD), foi observada diferença significativa somente entre genótipo x testemunha ao nível de ($p < 0,01$ e a 0,05) entre período de latência (PL) e largura da Lesão da 2^o medição (LL2), estes resultados indicam que os genótipos avaliados apresentaram comportamentos diferentes em relação a *R.sorghi*.

Prates et al. (2001), estudando a taxa de expansão de lesões de *Bipolaris sorokiniana* em oito cultivares de trigo (*Triticum aestivum*), observaram que o tamanho médio das lesões diferiu de forma significativa entre as cultivares testadas.

Já as variáveis, período de incubação (PI) e largura da lesão da 1^o medição (LL1), não houve diferenças significativas para os tratamentos, genótipos e entre genótipos x testemunha, possivelmente devido à rápida disseminação do patógeno em um curto período para o desenvolvimento das lesões.

Resultados semelhantes foram encontrados Bellon et al. (2012), avaliando a resistência em cultivares de maracujazeiro azedo ao fungo antracnose em casa de vegetação, encontrou diferença significativa entre as cultivares de maracujazeiro e a localização dos ferimentos da inoculação para o comprimento da lesão aos 14, 21 e 28 dias, bem como para a variável área abaixo da curva de progresso da lesão

Tabela 2 - Resumo da análise de variância das variáveis analisadas, quanto ao comportamento de reação entre 17 genótipos de sorgo, ao isolado *Ramulispora sorghi* (ISO1 Embrapa), cultivados em Cáceres - Mato Grosso, 2016

Fonte de Variação	GL	Quadrados Médios ^{1/}									
		AACPD	PI	PL	CL1	CL2	CL3	LL1	LL2	LL3	AACEAL
Tratamento	16	10475,79 ^{ns}	1,91 ^{ns}	2,58 ^{ns}	15,65**	20,27**	25,81**	0,19 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,54**	625,74*
Genótipo	15	3676,88 ^{ns}	1,95 ^{ns}	2,02 ^{ns}	13,71**	17,06**	18,21**	0,19 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,44**	585,91*
Genótipo x Testemunha	1	112459,33**	1,25 ^{ns}	11,06*	44,80**	68,41**	139,77**	0,20 ^{ns}	0,88*	1,93**	1223,16*
Resíduo	34	9169,24	8,21	2,27	5,05	5,21	5,18	0,16	0,16	0,16	273,73
Média dos Genótipos		214,73	8,33	6,64	4,65	5,61	7,04	0,42	0,56	0,87	23,75
Média Testemunha		15,16	9,00	4,66	0,67	0,69	1,26	0,69	8,66	0,05	2,94
C.V (%)		47,17	34,23	23,09	50,87	42,88	34,30	90,43	76,40	8,62	73,41

^{1/}AACPD – área abaixo da curva do progresso da doença, PI – período de incubação, PL – período de latência, CL1 – comprimento da lesão da primeira medição, CL2 – comprimento da lesão da segunda medição, CL3 – comprimento da lesão da terceira medição, LL1 – largura da lesão da primeira medição, LL2 – largura da lesão da segunda medição, LL3 – largura da lesão da terceira medição e AACEAL – área normatizada abaixo da curva da área de expansão da área da lesão.

** , * significativos respectivamente, nos níveis de 1% e 5% de probabilidade, pelo teste F.

^{ns} não significativo, pelo teste F.

(AACPL). Viana et al. (2014), avaliando a resistência à bactérias *Xanthomonas axonopodis* pv. *Passiflorae* em 18 genótipos de maracujazeiro-azedo, por meio de avaliação quanto à severidade utilizando escalas de notas classificadas como resistentes, medianamente resistentes, medianamente suscetíveis, altamente suscetíveis, observaram que os genótipos apresentaram diferença significativa com relação à agressividade do patógeno.

Na Tabela 3, estão apresentadas as médias das cinco variáveis entre os diferentes genótipos agrupados, pelo teste Tukey a 5% de probabilidade, onde foi observada que todas as variáveis analisadas que apresentaram diferença significativa, diferiram estatisticamente da testemunha, por expressarem sempre as maiores médias quanto à tolerância do patógeno.

As variáveis apresentaram amplitude de: comprimento da lesão da 1ª medição (CL1) de 0,67 a 9,25 cm; comprimento da lesão da 2ª medição (CL2) de 0,69 a 10,97 cm; comprimento da lesão da 3ª medição (CL3) de 0,01 a 12,63 cm; largura da lesão da 3ª medição (LL3) de 0,05 a 1,38 cm e área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão (AAEAL) de 2,94 a 53,95 cm.

A variável CL1 alocaram os 17 genótipos em três grupos de médias, revelando assim variabilidade entre os mesmos, onde os genótipos 201429B023, 201429B029, 201429B033 expressaram maior incidência do patógeno, e os demais genótipos apresentaram comportamento intermediário, expressando assim baixa incidência quanto à colonização do patógeno.

Em relação variável CL2 avaliada aos 14 dias, houve a formação de seis grupos de médias. Dentre os genótipos avaliados o 201429B023 se destacou com média elevada de sintomas com 10,97 cm expressando assim maior suscetibilidade ao patógeno, enquanto os genótipos sugargraze e BRS506 apresentaram reduzida sintomatologia do patógeno durante as avaliações, com média de 3,4 cm, demonstrando assim um comportamento almejado com baixa incidência quanto à agressividade do patógeno.

Quanto à variável CL3 avaliada aos 18 dias, os 17 genótipos ficaram alocados em cinco grupos de médias, sendo que os genótipos 201429B023 e 201429B029 apresentaram maior incidência do patógeno com média superior a 12 cm, onde esse comportamento foi observado em ambas às avaliações de comprimentos, e os genótipos sugargraze, BRS506, CV509, 201429B022 com

Tabela 3 - Comparação de médias entre os 17 genótipos de sorgo pelo teste de Tukey, estimado a partir de cinco variáveis quanto à reação ao fungo *Ramulispora sorghi* (ISO1 Embrapa), cultivados em Cáceres - Mato Grosso, 2016

Genótipos	Variáveis ^{1/}				
	CL 1	CL 2	CL 3	LL3	AACEAL
Sugargraze	2,78 ab	3,49 cd	4,56 bc	0,83 ab	8,94 ab
CV198	3,90 ab	4,56 abcd	5,88 abc	1,33 a	32,12 ab
BRS506	2,44 ab	3,41 cd	4,69 bc	0,83 ab	10,79 ab
BRS508	3,87 ab	4,53 abcd	6,86 abc	1,43 a	35,35 ab
BRS505	4,04 ab	5,05 abcd	6,00 abc	0,76 ab	14,04 ab
BRS511	4,31 ab	4,97 abcd	6,19 abc	1,00 ab	30,97ab
BRS509	2,94 ab	3,62 bcd	5,16 bc	0,72 ab	9,82 ab
CV568	4,49 ab	5,24 abcd	7,18 ab	1,38 a	35,04 ab
201429B015	4,37 ab	5,34 abcd	6,63 abc	0,27 ab	11,13 ab
201429B021	2,98 ab	4,24 abcd	5,74 abc	0,29 ab	8,13 ab
201429B022	3,19 ab	4,01 bcd	5,51 bc	0,76 ab	12,19 ab
201429B023	8,77 a	10,97 a	12,63 a	0,75 ab	39,90 ab
201429B029	9,25 a	10,52 ab	12,52 a	0,50 ab	34,11 ab
201429B030	4,47 ab	5,60 abcd	6,68 abc	1,24 ab	33,14 ab
201429B024	4,44 ab	5,22 abcd	6,81 abc	0,64 ab	16,45 ab
201429B033	8,17 a	8,98 abc	9,69 ab	1,37 a	53,95 a
Testemunha-BRS505	0,67 b	0,69 d	0,01 c	0,05 b	2,94 b

* Médias seguidas pela mesma letra não apresentam diferença significativa, pelo Teste Tukey a 5%.

^{1/}CL1 - comprimento da lesão da primeira medição, CL2 – comprimento da lesão da segunda medição, CL3 – comprimento da lesão da terceira medição, LL3 – largura da lesão da terceira medição e AACEAL – área normalizada abaixo da curva de expansão da área da lesão.

indicativo de tolerância a mancha-de-ramulispóra, por apresentaram baixa incidência quanto ao ataque do patógeno, com médias inferiores a 5,5 cm, indicando que quanto menor o comprimento das lesões menor será a área colonizada pelo patógeno e, conseqüentemente, menor será a severidade da doença.

Resultados semelhantes foram obtidos por Brady et al. 2011, que observaram variação no comprimento das lesões de *R. sorghi* entre 5 a 14 cm de comprimento.

Já a variável LL3 avaliada aos 18 dias, os genótipos foram distribuídos em três grupos de médias, onde os genótipos CV568, BRS508, CV198 e 201429B033 apresentaram as maiores médias, com valores superiores a 1,3 cm, apresentando assim maior suscetibilidade quanto à colonização do patógeno, devido à largura das lesões se revelarem superiores aos restantes dos genótipos avaliados e da testemunha.

Com relação variável área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão AACEAL, foi observada à formação de três grupos de médias, sendo o genótipo 201429B033 destacou com média elevada de 53,95 cm, destacando como o mais divergente e suscetível ao patógeno, já os demais genótipos apresentaram uma média geral de 21,4 cm expressando assim um comportamento intermediário de menor agressividade, quanto à expansão das lesões da mancha-de-ramulispóra.

Bellon et al. (2012), avaliando a resistência de cinco cultivares de maracujazeiro azedo, à antracnose em casa de vegetação, observou que o desenvolvimento da doença a partir do ferimento 1 para a inoculação, que a característica área abaixo da curva de progresso da lesão, alocaram os cultivares em dois grupos distintos, destacando um cultivar com maior suscetibilidade ao patógeno.

4.1.2 Estimativa de Correlação Simples de Pearson

As estimativas dos coeficientes de correlação linear de Pearson realizada para dez variáveis: AACPD, PI, PL, CL1, CL2, CL3, LL1, LL2, LL3 e AACEAL, entre

os genótipos de sorgo apresentaram variação de -0,004 a 0,979, onde observou-se que em todas as correlações significativas ocorreu de forma positiva, indicando que os sintomas de reação se correlacionaram-se entre as variáveis avaliadas (Tabela 4).

Resultado semelhante ao encontrado neste trabalho foi obtido por Guedes et al. (2013), observou apenas um ciclo de geração do patógeno, no qual só obteve correlações positivas.

Para determinar a magnitude das correlações, foi adotada a classificação proposta por Franzblau (1958). Do total de 45 correlações Pearson apenas 20 (44,44%) foram significativas pelo teste t, independente da significância estatística (1% ou 5%), sendo que 11,11% foram consideradas como muito fortes; 17,78% como fortes e 15,55% como moderadas.

Correlações moderadas foram observadas entre AACPD com CL1 (0,504), CL2 (0,527), CL3 (0,593), LL3 (0,556) e AACEAL (0,554), exceto para variável LL2 (0,603), que obteve correlação considerada forte, indicando que a colonização do patógeno reduz a área fotossintética das plantas, indicando que quanto maior a severidade da doença, maior serão os danos causados pelo patógeno.

A variável PL apresentou correlações classificadas como forte entre CL1 (0,603), CL2 (0,628) e CL3 (0,646), indicando que o aumento do PL, implicará no crescimento gradativo do comprimento das lesões. Como proposto Amorim (1995), as diferenças quanto à variação do tempo entre PL, podem estar associadas à variedade da espécie hospedeira, à variabilidade do patógeno e ao ambiente.

Os resultados encontrados diferem de Chaves et al. (2004), estudando a correlação de componentes de resistência e intensidade da doença no campo em genótipos de aveia branca, sendo observado correlação negativa, entre período de latência e comprimento de pústulas (-0,52).

Para a variável CL1 apresentou correlação considerada muito forte entre CL2 (0,991) e CL3 (0,965), e forte para a variável AACEAL (0,726), demonstrando o quanto essas variáveis estão interligadas. A variável CL2 foi observada correlação muito forte apenas para CL3 (0,979) e forte para AACEAL (0,691). Já o CL3 foi observado correlação moderada apenas entre AACEAL (0,679), fato este já era esperado, pois houve acréscimo gradativo dessas variáveis durante os intervalos das medições, isto reflete na suscetibilidade da planta à colonização do patógeno,

Tabela 4 - Estimativa de coeficientes de correlação simples de Pearson estimado a partir de dez variáveis, quanto à reação ao fungo *Ramulispora sorghi* (ISO1 Embrapa), cultivados em Cáceres- Mato Grosso, 2016

Variáveis ^{1/}	PI	PL	CL1	CL2	CL3	LL1	LL2	LL3	AACEAL
AACPD	-0,195	0,356	0,504*	0,527*	0,593*	-0,011	0,603**	0,556*	0,554*
PI	1,000	0,579	-0,150	-0,123	-0,164	-0,216	0,043	0,172	0,021
PL		1,000	0,603*	0,628**	0,646**	-0,255	0,162	0,605	0,288
CL1			1,000	0,991**	0,965**	0,105	0,439	0,198	0,726**
CL2				1,000	0,979**	0,455	0,405	0,168	0,691**
CL3					1,000	-0,004	0,445	0,228	0,679**
LL1						1,000	0,515*	0,331	0,514*
LL2							1,000	0,875**	0,889**
LL3								1,000	0,732**

^{1/}AACPD – área abaixo da curva do progresso da doença, PI – período de incubação, PL – período de latência, CL1 - comprimento da lesão da primeira medição, CL2 – comprimento da lesão da segunda medição, CL3 – comprimento da lesão da terceira medição, LL1 – largura da lesão da primeira medição, LL2 – largura da lesão da segunda medição, LL3 – largura da lesão da terceira medição e AACEAL – área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão.

** , * significativos respectivamente, nos níveis de 1% e 5% de probabilidade, pelo teste F.

que irá influenciar no ritmo de crescimento do patógeno e conseqüentemente na produção de esporos.

Em estudo realizado por Couto et al. (2002), avaliando componentes epidemiológicos e diferenciação de isolados de *Colletotrichum musae* em banana, onde observou correlações positivas entre a atividade enzimática amilolítica e tamanho das lesões (0,80), visto que o *C. musae* produz uma faixa ampla de enzimas capazes de destruir os componentes estruturais dos tecidos das plantas.

Quanto à variável LL1, foi observada correlação moderada entre LL2 (0,515) e AACEAL (0,514). Para a variável LL2 obteve somente correlações forte entre LL3 (0,875) e AACEAL (0,889); já a LL3, apresentou correlação forte apenas entre a variável AACEAL (0,732), demonstrando que o aumento desta variável implicará em acréscimo gradativo das outras.

Estudo realizado por Santos (2015), avaliando clones que apresentam características agrônômicas desejáveis de resistência à vassoura de bruxa, e buscando validar a metodologia, de discos de folhas para avaliação precoce de resistência ao patógeno, observou correlação positivas e altamente significativas, entre as variáveis: comprimento e área de lesão (0,973**) e largura e área de lesão (0,563**).

As correlações entre largura e comprimento são um resultado esperado, uma vez que o fungo se expande do ponto de infecção em várias direções (longitudinal e transversal). Essas avaliações são de suma importância para avaliar o indicativo de resistência e o progresso da doença em genótipos de sorgo quanto à reação do patógeno à mancha-de-ramulispóra.

4.1.3 Análise de agrupamento pelo método de Tocher , UPGMA e Projeção.

A utilização do método de Otimização de Tocher, fundamentado na dissimilaridade, expressa pelas distâncias de *Mahalanobis*, possibilitou a distribuição dos 17 genótipos e dois grupos distintos (Tabela 5). O grupo I foi à constituição mais numerosa alocando todos os genótipos que receberam a inoculação, reunindo 93,75% do total analisado, demonstrando que todos os genótipos pertencentes a este grupo apresentaram suscetibilidade ao patógeno, apresentando maior

dissimilaridade neste grupo, entre os genótipos CV568 e 201429B015 (32,09), já a menos dissimilar neste grupo foi entre BRS506 e CV198 (1,46). Já o grupo II ficou alocado somente à testemunha, diferindo assim dos genótipos que apresentaram agressividade do patógeno, por não ter recebido a aplicação do inóculo.

Souza et al. (2013), avaliando a divergência genética entre 10 cultivares de cana-de-açúcar quanto à resistência a *Diatraea saccharalis*, a partir do método de Otimização de Tocher, observou a alocação dos cultivares em cinco grupos distintos. O grupo I alocou os cultivares classificados como suscetíveis, onde o grupo II englobou os classificados como moderadamente resistente, eo grupo IV como altamente suscetível a *D. saccharalis*. Já a testemunha ficou alocada no grupo III, por ter apresentado valores próximos aos observados nas cultivares do grupo IV, onde a testemunha apresentou comportamento distinto em relação aos demais cultivares.

Tabela 5 - Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade patogênica entre os oito genótipos de sorgo sacarino e biomassa (ISO1 Embrapa), cultivados em Cáceres – Mato Grosso, 2016

Grupo	Genótipos	% Genótipos
I	201429B023, 201429B024, CV198, Sugargraze, BRS508, CV568, BRS506, BRS505, 201429B030, BRS511, 201429B021, 201429B033, 201429B015, 201429B029, 201429B023.	93,75
II	Testemunha-BRS505	6,25
Total	16	100,00

Os resultados apresentados pelo agrupamento de Tocher quando comparado com o método hierárquico da ligação média entre grupos UPGMA (Figura 4), foram concordantes quanto ao número de grupos e na distribuição dos genótipos onde os indivíduos mais dissimilares da distância generalizada de *Mahalanobis* estão agrupados em grupos distintos.

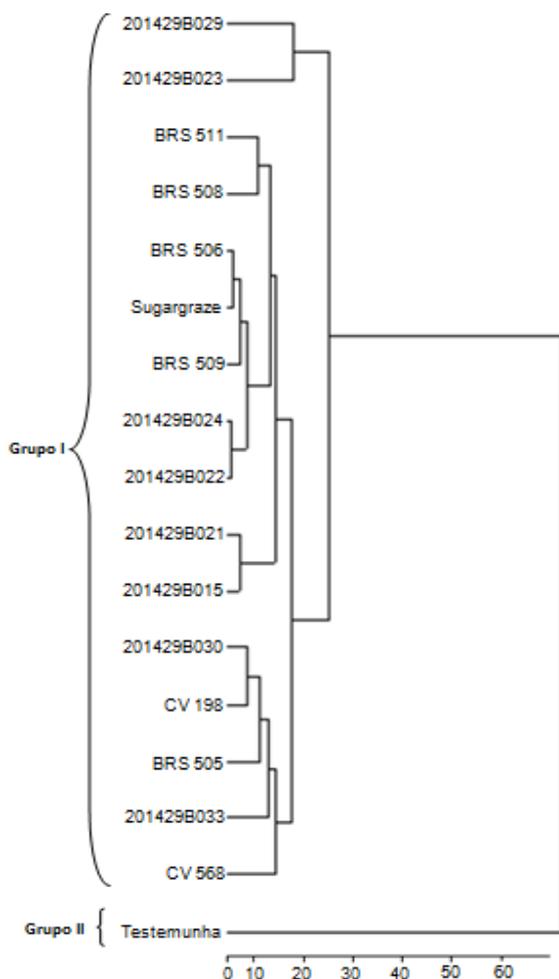


Figura 4 - Dendrograma representativo do agrupamento de 17 genótipos de sorgo, obtido pelo Método UPGMA, com base na dissimilaridade patogênica estimada a partir de dez variáveis, quanto à reação ao ISO1 Embrapa.

O dendrograma resultante da análise de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA, submetido a um corte a 63%, possibilitou a divisão dos genótipos em dois grupos distintos, sendo o grupo I foi composto pelos 16 genótipos que receberam a inoculação, demonstrando assim que todos pertencente a este grupo, apresentaram menor incidência da doença à mancha-de-ramulispóra, onde dentro deste grupo o genótipo 201429B033 destacou-se como o mais divergente e suscetível ao patógeno, por apresentar média elevada de sintomas para a variável

AACEAL, e os demais genótipos apresentaram comportamento intermediário, já o grupo II ficou alocado somente à testemunha que não recebeu o inóculo.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC), aplicado ao método de agrupamento pelo teste t, observou-se valores significativos para o método de agrupamento médio entre grupos (UPGMA), com ($r= 0,96$) e significativo ($P\leq 0,01$) evidenciando a existência de um ajuste satisfatório, entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma obtido.

Resultado semelhante foi observado por Ambrósio (2013), avaliando a resistência de diferentes genótipos de *Phaseolus vulgaris* L., em testes sem e com chance de escolha em 34 genótipos de feijoeiro, obteve a partir do método de agrupamento UPGMA a 1% de probabilidade um (CCC) de $r= 0,99$ demonstrando assim um bom ajuste.

Pelo método de projeção de distância no plano, pode se observar a formação de dois grupos bem distintos (Figura 5). Em relação à formação de grupos, observa-se concordância com os métodos de agrupamentos obtidos anteriormente, sendo semelhante ao obtido pelo método hierárquico UPGMA (Figura 4), e da distribuição dos grupos pelo Tocher (Tabela 5), não apenas ao número de grupos estabelecidos, mas, também, quanto aos genótipos alocados nos grupos, portanto, sendo assim, confiáveis na identificação de genótipos, quanto reação ao patógeno.

A concordância entre as metodologias também foi verificada por De Souza (2012) ao avaliar a caracterização física e química em genótipos de *Passifora edulis* e *P. cincinnata*, observaram a concordância nos métodos avaliados.

O coeficiente de correlação cofenética do gráfico ($r= 0,97$) mostrou-se um ótimo ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original o que evidencia elevada confiabilidade na realização de inferências por meio da avaliação visual da Figura 5.

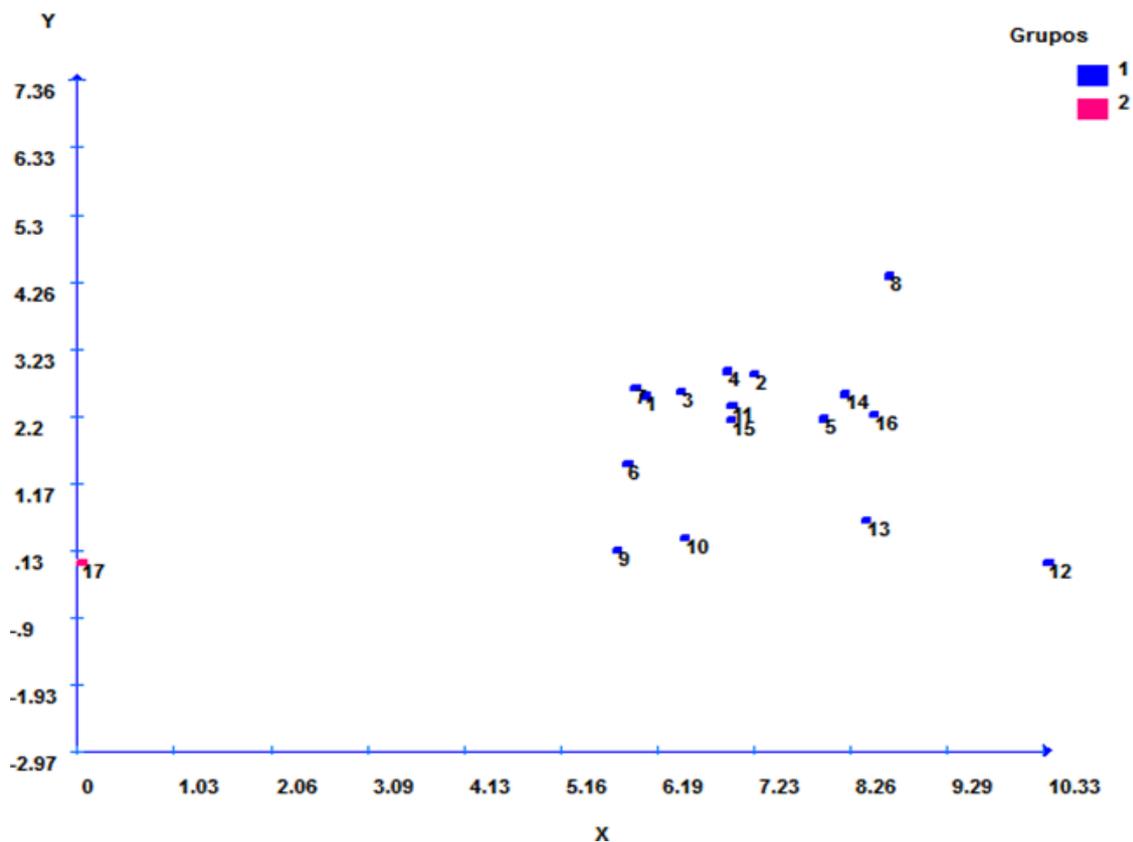


Figura 5 - Projeção de distância no plano dos 17 genótipos de sorgo avaliados, a partir de dez variáveis em Cáceres - Mato Grosso, 2016.

(1) Sugargraze, (2) CV198, (3) BRS506, (4) BRS508, (5) BRS505, (6) BRS511, (7) BRS509, (8) CV568, (9) 201429B015, (10) 201429B021, (11) 201429B022, (12) 201429B023, (13) 201429B029, (14) 201429B030, (15) 201429B024, (16) 201429B033, (17) Testemunha- BRS505.

Estes resultados se assemelham aos encontrados por Bertan et al. (2006), comparando métodos de agrupamento na representação da distância morfológica em 19 genótipos de trigo (*Triticum aestivum* L.), observou a concordância nos métodos de agrupamento UPGMA e na representação gráfica, com valores de correlação cofenética do gráfico de 0,95.

4.2 *Ramulispora sorghi* – ISO2 Unemat

4.2.1 Análise de variância univariada

Na Tabela 6, encontram-se os resultados provenientes da análise de variância do delineamento inteiramente casualizado para as dez variáveis analisadas. Foram observadas diferenças significativas ao nível de ($p < 0,01$) pelo teste F entre os tratamentos, genótipos e genótipos x testemunha, para as variáveis: largura da lesão da 3ª medição (LL3) e área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão (AACEAL). E entre tratamento e genótipo x testemunha ao nível de ($p < 0,01$) para comprimento da lesão da 3ª medição (CL3), e ao nível de ($p < 0,05$) para largura da lesão da 2ª medição (LL2), isso indica que os genótipos avaliados apresentaram comportamentos diferentes em relação à mancha-de-ramulispora.

Resultados semelhantes foram observados por Preisigke (2014), avaliando a resistência genética em 14 espécies de Passiflora aos fungos *Fusarium solani* e *Fusarium oxysporum* f. sp, no município de Cáceres- MT, observou que AACEAL e Largura das Lesões apresentaram efeito significativo entre as médias das espécies.

Para as variáveis: período de latência (PL) e comprimento da lesão da 2ª medição (CL2) foram observadas diferenças significativas tanto ao nível de ($p < 0,01$) e a ($p < 0,05$), para tratamento e entre genótipo x testemunha.

Resultados encontrados diferem com os observados por Guedes et al. (2013), avaliando 23 genótipos de sorgo, entre híbridos graníferos e forrageiros e suas linhagens parentais, o qual observou que a variável PL, não apresentou diferença significativa entre os genótipos ao fungo *Ramulispora sorghi*.

O período de incubação (PI) e largura da lesão da 1ª medição (LL1) não apresentaram efeito significativo para tratamentos, genótipos e entre genótipos x testemunha, possivelmente, devido à rápida disseminação do patógeno e um curto período para o desenvolvimento das lesões

Já as variáveis área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) e comprimento da lesão da 1ª medição (CL1) apresentaram diferença significativa ao nível de ($p < 0,01$) apenas entre genótipo x testemunha.

Silva (2009), avaliando componentes da resistência a *Pyrenophora*

Tabela 6 - Resumo da análise de variância das variáveis analisadas, quanto ao comportamento de reação entre 17 genótipos de sorgo, ao isolado *Ramulispora sorghi* (ISO2 Unemat), cultivados em Cáceres - Mato Grosso, 2016

Quadrados Médios ^{1/}											
Fonte de Variação	GL	AACPD	PI	PL	CL1	CL 2	CL 3	LL 1	LL 2	LL 3	AACEAL
Tratamento	16	8129,37 ^{ns}	7,12 ^{ns}	5,12*	7,09 ^{ns}	9,72*	13,20**	0,09 ^{ns}	0,42*	0,86**	591,31**
Genótipo	15	1869,33 ^{ns}	3,95 ^{ns}	1,10 ^{ns}	3,38 ^{ns}	4,23 ^{ns}	3,63 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,74**	475,82**
Genótipo x Testemunha	1	102030,02**	55,07 ^{ns}	65,39**	62,84**	92,07**	156,63**	0,007 ^{ns}	1,28*	2,68**	2323,59**
Resíduo	34	9595,83	7,54	2,00	4,23	4,03	4,05	0,10	0,20	0,18	164,60
Média dos Genótipos		218,09	8,75	6,47	5,05	6,05	7,54	0,39	0,75	1,13	30,21
Média Testemunha		28,00	4,33	1,66	0,34	0,34	0,15	0,34	7,66	0,16	1,52
C.V (%)		47,34	32,36	22,82	43,04	35,10	28,11	81,83	63,73	39,97	44,97

^{1/}AACPD – área abaixo da curva do progresso da doença, PI – período de incubação, PL – período de latência, CL1 - comprimento lesão da primeira medição, CL2 – comprimento lesão da segunda medição, CL3 – comprimento lesão da terceira medição, LL1 – largura lesão da primeira medição, LL2 - largura lesão da segunda medição, LL3 - largura lesão da terceira medição e AACEAL – área normatizada abaixo da curva de expansão da área lesão.

** , * significativos respectivamente, nos níveis de 1% e 5% de probabilidade.

^{ns} não significativo, pelo teste F.

chaetomiodes em 26 genótipos de aveia branca observou-se que a análise de variância apontou diferença significativa entre os genótipos tanto para severidade (AACPD) como para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD*c).

Os resultados encontrados diferem com os observados por Ramos et al. (2012), avaliando severidade em 23 genótipos de sorgo a partir da inoculação de dois isolados, observou diferença entre os mesmos, onde obteve híbridos de sorgo granífero resistentes à mancha-de-ramulispóra e duas linhagens com potencial para serem utilizadas como fonte de resistência a doença.

Na Tabela 7, estão apresentadas as médias das sete variáveis que apresentaram diferença significativa entre os diferentes genótipos agrupados, pelo teste Tukey a 5% de probabilidade, onde foi observada que todas as variáveis analisadas, que apresentaram diferença significativa, diferiram estatisticamente da testemunha, por expressarem sempre as maiores médias quanto à ocorrência do patógeno.

As variáveis apresentaram amplitude de: período de latência (PL) de 1,66 a 7,66 dias; comprimento lesão da 1ª medição (CL1) de 0,34 a 7,35 cm; comprimento lesão da 2ª medição (CL2) de 0,35 a 8,63 cm; comprimento lesão da 3ª medição (CL3) de 0,15 a 10,19 cm; largura lesão da 2ª medição (LL2) de 0,07 a 1,49 cm; largura lesão da 3ª medição (LL3) de 0,16 a 2,05 cm e área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão (AAEAL) de 1,52 a 55,49 cm.

A variável PL para os 17 genótipos foi alocados em três grupos de médias, revelando assim variabilidade entre os mesmos, sendo que 14 genótipos apresentaram menor índice de esporulação do patógeno, diferindo assim significativamente da testemunha. Maiores períodos de latência podem indicar uma maior resistência da planta à colonização do patógeno. Conforme Lobo et al. (2005), o genótipo que apresenta maior período latente tem, assim, maior probabilidade de reduzir a taxa de progresso da doença, evitando a epidemia ou reduzindo o potencial de inóculo, quando as condições favoráveis à ocorrência da doença persistirem por períodos prolongados.

Para CL1 os genótipos foram agrupados em três grupos de médias, sendo que, dentre os genótipos avaliados o 201429B030 apresentou maior comprimento de lesão 7,33 cm, expressando assim, maior incidência do patógeno. Já os demais genótipos apresentaram uma média geral de 4,61 cm, demonstrando baixa incidência quanto ao ataque do patógeno.

Tabela 7 - Comparação de médias entre os 17 genótipos de sorgo pelo teste de Tukey, estimado a partir de sete variáveis quanto à reação ao fungo *Ramulispora sorghi* (ISO2 Unemat), cultivados em Cáceres - Mato Grosso, 2016

Genótipos	Variáveis ^{1/}						
	PL	CL 1	CL 2	CL3	LL2	LL3	AACEAL
Sugargraze	6,00 a	3,83 ab	4,80 ab	6,22 ab	0,59 ab	1,32 abcd	22,49 abc
CV198	6,33 a	5,00 ab	5,85 ab	7,30 a	1,49 a	2,05 a	55,49 a
BRS 506	6,66 a	3,55 ab	4,22 ab	5,97ab	1,04 ab	1,57abc	33,95 abc
BRS508	6,33 a	5,22 ab	6,22 ab	7,84 a	0,93 ab	1,45 abcd	39,43 abc
BRS505	7,33 a	4,50 ab	5,61 ab	6,72 a	0,41 ab	0,73 bcd	16,98 abc
BRS511	7,00 a	4,56 ab	6,24 ab	7,67 a	1,27 ab	1,85 ab	49,96 ab
BRS509	5,66 ab	3,83 ab	4,57 ab	6,26 ab	0,90 ab	1,34 abcd	27,91 abc
CV568	7,66 a	5,40 ab	6,32 ab	8,07 a	0,70 ab	1,16 abcd	32,23 abc
201429B015	7,33 a	4,66 ab	5,43 ab	7,47 a	0,21 ab	0,25 d	11,08 bc
201429B021	5,66 ab	4,51 ab	5,52 ab	7,33 a	0,92 ab	0,97 abcd	26,93 abc
201429B022	6,00 a	4,50 ab	5,12 ab	6,78 a	0,29 ab	0,34 d	11,61 bc
201429B023	6,66 a	6,40 ab	7,55 a	8,81 a	0,65 ab	0,77 abcd	33,53 abc
201429B029	6,00 a	6,33 ab	6,88 a	8,39 a	0,51 ab	0,62 bcd	19,41 abc
201429B030	6,66 a	7,35 a	8,63 a	10,19 a	0,44 ab	0,73 bcd	25,99 abc
201429B024	6,33 a	4,96 ab	6,23 ab	7,82 a	0,91 ab	1,46 abcd	40,55 abc
201429B033	6,00 a	6,27 ab	7,65 a	8,64 a	0,70 ab	1,29 abcd	35,84 abc
Testemunha-BRS505	1,66 b	0,34 b	0,35 c	0,15 b	0,07 b	0,16 d	1,52 c

* Médias seguidas pela mesma letra não apresentam diferença significativa, pelo Teste Tukey a 5%.

^{1/}PL- Período de latência, CL1 – comprimento da lesão da primeira medição, CL2 – comprimento da lesão da segunda medição, CL3 – comprimento da lesão da terceira medição, LL2- largura da lesão da segunda medição LL3 – largura da lesão da terceira medição e AACEAL – área normalizada abaixo da curva de expansão da área da lesão.

Em relação à variável CL2, os genótipos foram alocados em três grupos de médias, sendo que 201429B023, 201429B029, 201429B030 e 201429B033 apresentaram média superior a 8,63 cm. Os demais genótipos apresentaram menor incidência do patógeno, pois quanto menor o comprimento das lesões menor será a área colonizada e, conseqüentemente, menor será a severidade da doença.

Para CL3, os genótipos foram distribuídos em três grupos, sendo 13 com média superior a 10 cm, sendo que esse comportamento já era esperado em virtude do comprimento das lesões terem apresentado acréscimo gradativo durante os intervalos das avaliações. Enquanto os demais genótipos apresentaram uma média geral de 4,65 cm com menor agressividade do patógeno.

Bueno et al. (2010), avaliando o comportamento da espécie maracujazeiro amarelo, diante de uma população de *Fusarium solani*, observou que o comprimento das lesões variaram de 0,01 a 2,9 cm, formando três grupos distintos de média, indicando que esta variável de comprimento é critério útil na pré-seleção de genótipos quanto a resistência ao patógeno.

A LL2 permitiu alocar os genótipos em três grupos, sendo que dos 17 genótipos avaliados, 16 apresentaram menor incidência do patógeno, onde esse comportamento é almejado em função de que, quanto menor a largura das lesões menor será a área colonizada pelo patógeno e, conseqüentemente menor será a sua severidade. Entretanto, o genótipo CV198 apresentou maior agressividade, expressando assim maior suscetibilidade à mancha-de-ramulispóra. Esses resultados diferem com os encontrados por Rossi et al. (2015), avaliando a patogenicidade de isolados de *Exserohilum turcicum* da Argentina e do Brasil em genótipos de milho, observou que entre os isolados não houve diferença significativa, apresentando assim o mesmo comportamento.

A variável LL3 separou os genótipos em sete grupos distintos, sendo que os genótipos 201429B015 e 201429B022 apresentaram menor incidência do patógeno semelhante à média da testemunha, com média superior a 0,34 cm indicando que esses genótipos manifestaram menor colonização do patógeno. Já o genótipo CV198 foi o que obteve as maiores médias em ambas as avaliações de largura das lesões, expressando assim maior colonização do patógeno quanto à expansão das lesões.

Quanto à variável AACEAL, os genótipos foram alocados em cinco grupos

distintos, onde os genótipos 201429B015 e 201429B022 apresentaram menor incidência da doença, com média geral de 11,35 cm. E o genótipo CV198 apresentou maior colonização do patógeno, onde esse comportamento foi observado nas avaliações anteriormente de LL2 e LL3 indicando que esse genótipo apresentou ocorrência elevada de incidência da doença, se destacando como o mais divergente e suscetível ao patógeno.

4.2.2 Estimativa de Correlação simples de Pearson

As estimativas dos coeficientes de correlação linear de Pearson realizada para as dez variáveis AACPD, PI, PL, CL1, CL2, CL3, LL1, LL2, LL3 e AACEAL, entre os 17 genótipos de sorgo apresentaram variação de -0,091 a 0,986, onde observou-se que em todas as correlações significativas foram positivas, indicando que os sintomas de reação se correlacionam-se entre as variáveis avaliadas (Tabela 8).

Esses resultados diferem com os encontrados por Cruz et al. (2011), avaliando caracteres relacionados com a resistência ao acamamento em 14 genótipos de trigo, onde foi observado tanto correlação significativa positiva e negativa.

Para determinar a magnitude das correlações, foi adotada a classificação proposta por Franzblau (1958). Do total de 45 correlações Pearson apenas 22 (48,89%), foram significativas pelo teste t, independente da significância estatística (1% ou 5%), sendo que 20% consideradas como muito fortes; 13,33% como fortes e 15,56% classificadas como moderada.

Correlações fortes foram observadas entre AACPD com PI (0,684), CL1 (0,760) e CL2 (0,762) e muito forte para PL (0,852) e CL3 (0,823), exceto para a variável AACEAL (0,506), que obteve uma correlação considerada moderada, indicando que quanto maior a severidade da doença, maior serão os danos causados pelo patógeno.

Tabelas 8 - Estimativas de coeficientes de correlação linear de Pearson estimado a partir de dez variáveis de reação ao fungo

Ramulispora sorghi (ISO2 Unemat), cultivados em Cáceres, 2016

Variáveis ^{1/}	PI	PL	CL 1	CL2	CL3	LL1	LL2	LL3	AACEAL
AACPD	0,684**	0,852**	0,760**	0,762**	0,823**	0,103	0,404	0,424	0,506*
PI	1,000	0,669**	0,435	0,475	0,527*	-0,091	0,397	0,530*	0,455
PL		1,000	0,690**	0,724**	0,805**	0,154	0,319	0,335	0,437
CL1			1,000	0,986**	0,968**	0,101	0,176	0,146	0,401
CL2				1,000	0,979**	0,164	0,247	0,232	0,479*
CL3					1,000	0,143	0,293	0,266	0,485*
LL1						1,000	0,533*	0,454	0,645**
LL2							1,000	0,941**	0,931**
LL3								1,000	0,914**

^{1/}AACPD – área abaixo da curva do progresso da doença, PI – período de incubação, PL – período de latência, CL1 – comprimento da lesão da primeira medição, CL2 – comprimento da lesão da segunda medição, CL3 – comprimento da lesão da terceira medição, LL1 – largura da lesão da primeira medição, LL2 – largura da lesão da segunda medição, LL3 – largura da lesão da terceira medição e AACEAL – área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão.

** , * significativos respectivamente, nos níveis de 1% e 5% de probabilidade, pelo teste F.

A variável (PI) apresentou correlação forte entre PL (0,669) e moderada para CL3 (0,527) e LL3 (0,530), isso pode ser explicado pelo fato de que, quanto maior o período de incubação maior será o tempo para a esporulação, e as demais variáveis que apresentaram correlação moderadas, indicam que, o aumento do período de incubação, não necessariamente implicara em aumentos do CL3 e LL3.

Resultado semelhante foi observado por Ramos et al. (2014), avaliando componentes genéticos da resistência à *Ramulispora sorghi*, em dois experimentos conduzidos em casa de vegetação, a partir da inoculação de dois isolados em 23 genótipos de sorgo, onde foram observadas correlações significativa positiva forte entre PI e PL foi de (0,970).

Para variável PL, apresentaram correlações classificadas como forte entre CL1 (0,690), CL2 (0,724) e somente entre a variável CL3 (0,805), apresentou correlação considerada muito forte, indicando que quanto maior o período de latência maior foram os comprimentos gradativos do tamanho das lesões. Como proposto por Wesp et al. (2008), períodos de incubação e latência mais longos estão relacionados com uma menor severidade final da doença no campo. Este fato não foi observado no presente trabalho, como o experimento foi conduzido em casa de vegetação foi analisado apenas um ciclo de geração do patógeno.

A variável CL1 apresentou correlação considera muito forte entre CL2 (0,986) e CL3 (0,968), demonstrando o quanto essas variáveis estão interligadas. Correlação forte foi observada entre CL2 e CL3 (0,979) e moderada CL2 e AACEAL (0,479). Já a variável CL3, obteve correlação apenas para AACEAL (0,485), sendo esta classificada como moderada, este comportamento observado era esperado, pois houve crescimento gradativo da colonização do patógeno durante os intervalos das medições.

Em estudo realizado por Lima et al. (2013), caracterizando população de 16 isolados *Lasiodiplodia theobromae*, quanto ao crescimento e esporulação em dois experimentos em diversos hospedeiros nos estados do Ceará, Maranhão e Piauí, observou correlações positiva entre a taxa média de crescimento micelial dos isolados e a média do comprimento da lesão em cajazeira (0,620*), gravioleira (0,632*) e umbuzeiro (0,831**), sendo que este crescimento foi gradativo durante as avaliações.

Quanto à variável LL1, foi observada correlação moderada somente para LL2 (0,533) e, entre AACEAL (0,645), apresentou correlação classificada como forte. A variável LL2 apresentou correlação muito forte entre LL3 (0,941) e AACEAL (0,931), já LL3 apresentou correlação muito forte apenas entre a variável AACEAL (0,914), demonstrando que o aumento desta variável implicará em acréscimo gradativo das outras, que são de suma importância para distinguir os genótipos quanto seu comportamento a reação do patógeno.

Em estudo realizado por Pedrosa et al. (2004), avaliando componentes de resistência em patossistema cebola (*Colletotrichum gloeosporioides*), conduzido na Universidade Federal de Viçosa, observou que os maiores valores de correlações estavam sempre associados as estimativas de severidade do patógeno.

4.2.3 Análise de agrupamento pelo método de Tocher, UPGMA e Projeção

A utilização do método de Otimização de Tocher, fundamentado na dissimilaridade expressa pelas distâncias de *Mahalanobis*, possibilitou a distribuição dos 17 genótipos em dois grupos distintos (Tabela 9). Sendo o grupo I composto por todos os genótipos que receberam a inoculação, alocando (93,75%) dos genótipos, demonstrando que todos deste grupo apresentaram suscetibilidade ao patógeno, sendo a maior dissimilaridade neste grupo representado entre os genótipos Sugargraze e BRS 511 (982,18), já o menos dissimilar neste grupo foi BRS 506 e CV 509 (2,06). Já o grupo II ficou alocado somente à testemunha, diferindo dos genótipos que apresentaram maior agressividade do patógeno, por não recebido o inóculo.

Em trabalho desenvolvido por Aguilera (2007), avaliando 96 acessos da espécie *Lycopersicon esculentum* Mill, quanto à tolerância ao geminivírus *Tomato yellow spot* vírus, observou que os acessos foram agrupados em dois grupos pelo agrupamento de Tocher, sendo que o grupo I foi alocado por apenas um acesso e o grupo II composto pelo restante dos acessos.

Tabela 9 - Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade patogênica entre os oito genótipos de sorgo sacarino e biomassa (ISO2 Unemat), cultivados em Cáceres – Mato Grosso, 2016

Grupo	Genótipos	% Genótipos
I	BRS505, BRS506, BRS508, 201429B015, CV198, Sugargraze, 201429B022, BRS511, 201429B033, BRS509, 201429B024, 201429B029, 201429B023, 201429B030, 201429B021.	93,75
II	Testemunha- BRS505	6,25
Total	16	100,00

Essa técnica de agrupamento possibilitou separar os genótipos de sorgo, baseados em variáveis quanto ao comportamento destes diante do isolado. Nota-se que os genótipos foram separados da testemunha, devido todos ter apresentado um comportamento de suscetibilidade ao patógeno.

Os resultados apresentados pelo agrupamento de Tocher quando comparado com o método hierárquico da ligação média entre grupos UPGMA (Figura 6), foram concordantes, quanto ao número de grupos e na distribuição dos genótipos, onde os indivíduos mais dissimilares da distância generalizada de *Mahalanobis* estão agrupados em grupos distintos.

A concordância entre as metodologias, onde também foi observado por Souza et al. (2012), realizando a comparação de métodos de agrupamento para caracterizar e quantificar a divergência genética de acessos de *Passiflora edulis* e *P. cincinnata* com base em características físicas e químicas de frutos, observaram concordância nos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA.

Assim, no presente estudo, verifica-se que o dendrograma resultante da análise de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA, submetido a um corte a 63%, possibilitou a divisão dos genótipos em dois grupos distintos, sendo o grupo I foi composto pelos 16 genótipos que receberam a inoculação, demonstrando assim que todos apresentaram sintomas da doença, onde dentro deste grupo os genótipos 201429B015 e 201429B022 apresentaram indicativo de tolerância à mancha-de-ramulispora, por apresentarem menor incidência quanto à área total afetada pelo patógeno. E o genótipo CV198, destacou como o mais divergente e suscetível ao

patógeno. Já a formação do grupo II ficou somente com a testemunha que não recebeu o inóculo.

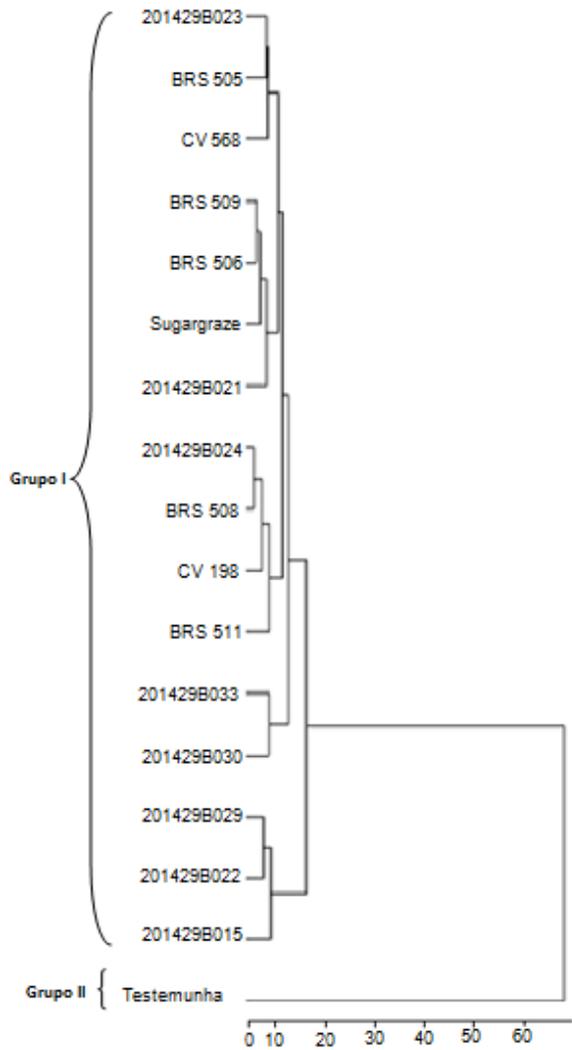


Figura 6 - Dendrograma representativo do agrupamento de 17 genótipos de sorgo, obtido pelo Método UPGMA, com base na dissimilaridade patogênica estimada a partir de dez variáveis quanto à reação ao ISO2 Unemat.

No trabalho realizado Moreira et al. (2015), avaliando a caracterização morfológica de 10 genótipos *Capsicum vavilovii* L. com resistência à mancha-

bacteriana, a partir de dados quantitativos, observou que o método (UPGMA), obteve a formação de dois grupos distintos, sendo o grupo I reunindo somente um genótipo, e o grupo II alocou os restantes dos genótipos, sendo que este método de agrupamento permitiu uma melhor diferenciação dos genótipos.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC), aplicado aos métodos de agrupamento UPGMA pelo teste t, foi de ($r= 0,90$) e significativo ($P\leq 0,01$), demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e o dendograma obtido.

Resultado semelhante foi observado por Tschurtschenthaler et al. (2012), avaliando a variabilidade genética da ferrugem-asiática-da-soja no Brasil, por meio de marcadores microssatélites, obteve a partir do método de agrupamento UPGMA a 1% de probabilidade um (CCC) foi de ($r= 0,84$) demonstrando assim um bom ajuste entre a matriz de dissimilaridade.

No gráfico de projeção dos genótipos, com base na matriz de dissimilaridade (Figura 7), observou-se a formação de dois grupos bem distintos. Em relação à formação de grupos, foram concordantes com os métodos de agrupamentos obtidos anteriormente, sendo semelhante ao observado pelo método hierárquico UPGMA (Figura 6), e da distribuição dos grupos pelo Tocher (Tabela 9), não apenas ao número de grupos estabelecidos, mas, também, quanto aos genótipos constituintes dos grupos, portanto, confiáveis na identificação de genótipos suscetível ao patógeno.

Estes resultados se assemelham com o encontrado por Sudré (2003), avaliando a resistência à mancha bacteriana em *Capsicum* spp, observou que as técnicas multivariadas aplicadas UPGMA e projeção das distâncias no plano foram concordantes entre si e permitiram concluir quais os acessos analisados são mais divergentes.

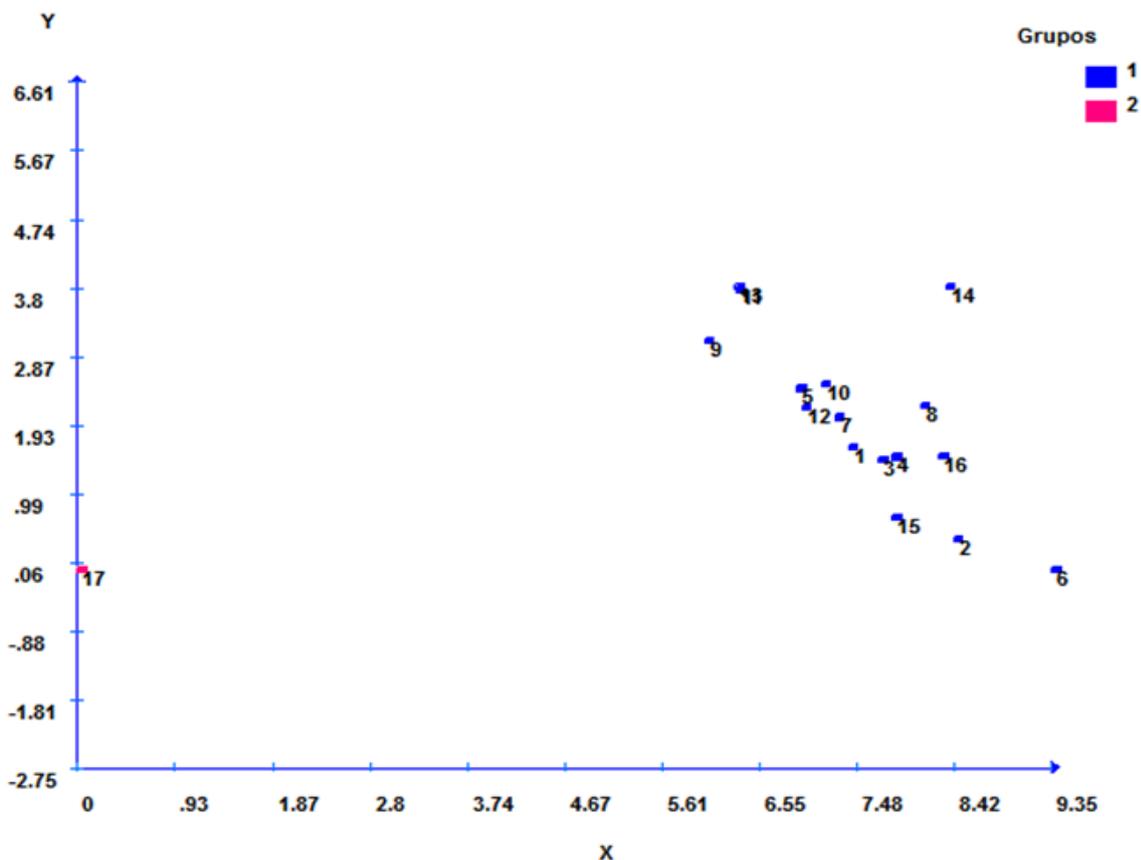


Figura 7 - Projeção de distância no plano dos 17 genótipos de sorgo avaliados, a partir de dez variáveis, Cáceres - Mato Grosso, 2016.

(1) Sugargraze, (2) CV198, (3) BRS506, (4) BRS508, (5) BRS505, (6) BRS511, (7) BRS509, (8) CV568, (9) 201429B015, (10) 201429B021, (11) 201429B022, (12) 201429B023, (13) 201429B029, (14) 201429B030, (15) 201429B024, (16) 201429B033, (17) Testemunha- BRS505.

O coeficiente de correlação cofenética do gráfico ($r=0,97$) mostrou um ótimo ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original o que evidencia elevada confiabilidade na realização de inferências por meio da avaliação visual da Figura 7.

A concordância entre as metodologias, também foi verificada por Lima (2016), avaliando diversidade entre 16 variedades crioulas de feijão-caupi do acre, observou a partir da projeção, os valores de correlação cofenética do gráfico foi de ($r=0,85$).

5. CONCLUSÕES

Os genótipos de sorgo sacarino e biomassa avaliados, apresentaram comportamento diferente diante dos isolados estudados e ambos diferiram estatisticamente da testemunha.

Os genótipos 201429B033 e CV198 se destacaram como o mais divergente e suscetível ao patógeno. Já os genótipos 201429B015 e 201429B022 apresentaram indicativo de tolerância à mancha-de-ramulispora por apresentarem reduzida sintomatologia quanto à área total afetada pelo patógeno.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGROCERES. **Guia Agroceres de sanidade**. São Paulo: Sementes Agroceres. 1996. 72p.

AGUILERA, J.G. **Variabilidade molecular e resistência a geminivirus em acessos de tomateiro do BGH-UFV**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. 2007. 53p. (Dissertação-Mestrado em Fitotecnia).

ALEXANDER, H.M. **Evolution of disease resistance in natural plant populations**. University of Chicago, 1993. p.326-328.

ALMORADES, A.; HADY, M. R. Production of bioethanol from sweet sorghum: A review. **African Journal of Agricultural Research**, 4:772-780, 2009.

AMBRÓZIO, V. C. **Resistência de genótipos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) a *Zabrotes subfasciatus* (Bohemann, 1833)**. Cáceres-MT: Universidade do Estado de Mato Grosso, 2013. 61f (Dissertação-Mestrado Ciências Agrárias em Genética e melhoramento de plantas).

AMORIM, L. **Colonização e reprodução**. Manual de Fitopatologia. Editora Agronômica Ceres, 1995, v.1, 324p.

BANDYOPADHAY, R. Sooty stripe. In: FREDERIKSEN, R. A (Ed.). **Compendium of sorghum diseases**. St. Paul: **American Phytopathological Society**.14-15, 2000.

BELLON, G.; FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; SUSSEL, A. A. B. S.; JUNQUEIRA, K. P. Avaliação da severidade da antracnose em cultivares de maracujazeiro azedo em casa de vegetação. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 22. 2012, Bento Gonçalves. **Anais...** Bento Gonçalves: SBF, 2012. p.4364-4367.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G.; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**. 3:279-286, 2006.

- BESPALHOK, J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Noções de Genética Quantitativa. Melhoramento de Plantas.** Disponível em: www.bespa.agrarias.ufpr.br/conteudo (2007). Acesso em agosto de 2014.
- BRADY, C. R.; NOLL, L. W.; SALEH, A. A.; LITTLE, C. R. Disease severity and microsclerotium properties of the sorghum sooty stripe pathogen, *Ramulisporasorghi*. **Plant Disease**. 95:853-859, 2011.
- BUENO, C.J.; FISCHER, L.H.; PARISI, M. C. M.; FURTADO, E. L. Comportamento do maracujazeiro amarelo, variedade afruvec, ante uma população de *fusarium solani*, agente causal da podridão do colo. **Instituto Biológico**. 77:533-537, 2010.
- BUSSAB, W. O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo: Associação Brasileira de Estatísticas, 1990, 105p.
- CARRILLO, M. A.; STAGGENBORG, S. A.; PINEDA, J. A. Washing sorghum biomass with water to improve its quality for combustion. **Elisevier Fuel**. 116:427-431, 2014.
- CASTRO, F. M. R. **Potencial Agronômico e Energético de Híbridos de Sorgo Biomassa**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2014. 80p. (Dissertação-Mestrado em Fitotecnia).
- CHASAN, R. Plant-pathogen encounters Edinburgh: meeting report. **The Plant Cell**. 6:1332-1341,1994.
- CHAVES, M. S.; MARTINELLI, J. A.; FEDERIZZI, L. C. E. Resistência quantitativa à ferrugem da folha em genótipos de aveia branca: III-correlação de componentes de resistência entre si e com a intensidade de doença no campo. **Fitopatologia Brasileira**. 29:197-2000, 2004.
- COIMBRA, J. L. M.; SANTOS, J. C. P.; ALVES, M. V.; BARZOTTO, I. Técnicas multivariadas aplicadas ao estudo da fauna do solo: contrastes multivariados e análise canônica discriminante. **Revista Ceres**. 54:270-276, 2007.
- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_02_04_09_05_00_boletim_graos_fevereiro_2016.pdf. Acesso em: 16, julho, 2016.

- COTA, L. V.; SILVA, D. D.; COSTA, R. V.; RAMOS, T. C. D. A. **Caracterização e identificação de Fontes de Resistência à Mancha Foliar Causada por *Ramulispora sorghi* em Genótipos de Sorgo**. Sete Lagoas. Embrapa. 2013. p.9 (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 92).
- COUTO, E. F.; MENEZES, M.; COELHO, R. S. B. Avaliação da patogenicidade e diferenciação de isolados de *Colletotrichum musae*. **Revista Summa Phytopathologica**. 28:260-266, 2002.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. 3:271-276, 2013.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulações**. Viçosa: UFV, 2006. 175 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003.v.2, 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2006, 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1997. v.2, 390p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. v.1, 480p.
- CRUZ, P. J.; CARVALHO, F. I. F.; CAETANO, V. R.; SILVA, S. A.; KUREK, A. J.; BARBIERI, R. L. Caracteres relacionados com a resistência ao acamamento em trigo comum. **Ciência Rural**. 31:563-568, 2001.
- CÚNDOM, M. A.; NAMTZ, Y.; GUTIÉRREZ, S. A. *Ramulispora sorghi* patógeno en cultivos de sorgo del ne de Argentina. **Summa Phytopathologica**. 42:183-184, 2016.
- DA SILVA, D. D.; VIANA, C. L.; COTA, R. V.; CASELA, C. R. Mancha-de-ramulispora em Sorgo. **Boletim Circular Técnica Embrapa Milho e Sorgo**. v.199. p.1-5, 2013.
- DE SOUZA, L. B.; SILVA, E. M.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A.; SILVA, I. C. V. Caracterização e divergência genética de acessos de *Passiflora edulis* e *P.*

cinnata com base em características físicas e químicas de frutos. **Revista Brasileira Fruticultura**. 34:832-839, 2012.

Developing a genetic model for C4 grass bioenergy crops. **Biofuels Bioproducts and Biorefining**. 6:640–655, 2012.

DINIZ, G. M. M. **Produção de sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) aspectos gerais**. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2010.22p. (Dissertação-Mestrado em Melhoramento genético de plantas).

DUARTE, R. P.; JULIATTI, F. C. Avaliação de linhagens avançadas de soja para resistência parcial á ferrugem da soja. **Horizonte científico**. 2:1-22, 2008.

DURÃES, N. N. L. **Heterose em sorgo sacarino**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2014. 97p. (Dissertação- Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

FAVARATO, L. F.; PAULA, G. S.; ESPINDULA, M. C.; ROCHA, V. S. Avaliação de linhagens de sorgo vassoura na região de Viçosa, MG, Brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. 10:82-86, 2011.

FERNANDES, G. **Sacarino visando à produção de etanol**. Minas Gerais: Universidade Federal de Uberlândia, 2014. 198f. (Tese - Doutorado Engenharia Química).

FERREIRA, A. S.; CASELA, C. R.; PINTO, N. F. J. A. **Manejo de doenças na cultura do sorgo**. Sete Lagoas. Embrapa Milho e Sorgo, 2007. 20 p. Embrapa Milho e Sorgo. Circular técnica, 89p.

FERREIRA, O. E. **Produção de etanol a partir de sorgo sacarino com tratamento enzimático**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2015. 78p. (Tese – Doutorado - Ciências Agrárias).

FLOR, H. H. Current status of gene-for-gene concept. **Annual Review of Phytopathology**. 9:275-296, 1971.

FRANCO, A. A. N. **Marcha de absorção e acúmulo de nutrientes na cultura do sorgo**. Minas Gerais: Universidade Estadual de Montes Claros, 2011. 74p. (Dissertação - Mestrado em Produção vegetal no Semi – Árido).

FRANZBLAU, A. A. **Primer of statistics for non-statisticians**. New York: Harcourt, Brace e World. 1958,109p.

GIACOMINI, I.; PEDROSA, M. M.; SIQUEIRA, F. L. T.; MELLO, S. Q. S.; CERQUEIRA, F. B.; SALLA, L. Uso potencial de sorgo sacarino para a produção de etanol no Estado do Tocantins. **Revista Agrogeoambiental**. 5:73-81, 2013.

GIRARD, J. C. A review of sooty stripe and rough .zonate. and oval leaf spots. In: SORGHUM diseases: a world review **USDA - National Agricultural Library India**: 2:27-140,1978.

GUEDES, V. L. A.; COTA, L. V.; SILVA, D. D.; COSTA, R. V. **Resistência de genótipos de sorgo a mancha foliar causada por *Ramulispora sorghi***. Sete Lagoas. Embrapa Milho e Sorgo, 2013.

HOFFMANN Jr, L.; ROONEY, W. L. Accumulation of biomass and compositional change over growth season for six photoperiod sorghum lines. **Bio Energy Ressearch**. v.7, p. 81-815, 2014.

IBGE, **Instituto Brasileiro de geografia e estatística**. Banco de dados agregados: Produção Agrícola Municipal, 2009. Disponível em: Acesso em: 08, Março, 2016.

KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. Agronômica Ceres, 1997. v.2, 774p.

KOGA, L. J.; CANTERI, M. G.; CALVO, É. S.; UNFRIED, J. R.; GARCIA, A.; HARADA, A.; KIIH, R. A. S. Análise multivariada dos componentes da resistência à ferrugem-asiática em genótipos de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 48:1277-1286, 2008.

LIMA, J. S.; MOREIRA, R. C.; CARDOSO, J. E.; MARTINS, M. V. V.; VIANA, M. P. Caracterização cultural, morfológica e patogênica de *Lasiodiplodia theobrome* associado a fruteiras tropicais. **Summa Phytopathológica**. 39:81-88, 2013.

LIMA, S. R. **Diversidade entre variedades crioulas de feijão-caupi do acre**. Universidade Federal do Acre. UFA. 2016. 75f. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).

- LINDSAY, W. P.; LAMB, C. J.; DIXON, R. A. Microbial recognition and activation of defense systems. **Trends in Microbiology, Cambridge**.1:181-186, 1993.
- LOBO, V. L. S.; LOPES, C. A.; GIORDANO, L. B. Componentes da resistência à mancha-bacteriana e crescimento de *Xanthomas campestris* PV. *Vesicatoria*, raça T2, em genótipos de tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**. 30:17-19, 2005.
- MAGALHÃES, P. C.; SOUZA, T. C.; RODRIGUES, J. A. S. **Cultivo do sorgo**. Sete Lagoas, Embrapa Milho e Sorgo, 2012. (Embrapa Milho e Sorgo, 8° edição).
- MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; SCHAFFERT, R. E. **Fisiologia da planta do sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. v.1, 46p, 2000.
- MAXIAGRO, **Sementes e Cereais**. Disponível em: <http://www.maxiagro.rs.com.br/index.php?id=2.12.0.0.1.0>. Acesso em 26 junho, 2016.
- MAY, A. **Cultivo de Sorgo Sacarino em Áreas de Reforma de Canaviais**. Sete Lagoas: EMBRAPA/CNPMS, 2013. Circular Técnica. 36p.
- MAY, A.; PARRELLA, R. C.; PARRELLA, N. N. L. D.; SCHAFFERT, R. E.; CASTRO, L. H. S. **Sorgo Biomassa para Cogeração de Energia. Circular Técnica**. 211:1-7. 2015.
- MENEGON, A. P.; FORCRLINI, C. A.; FERNANDES, J. M. C. Expansão de lesão da mancha- reticular da cevada e sua interação com o tratamento de sementes. **Fitopatologia Brasileira**. 30:139-141, 2005.
- MEYER, A. S. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análise de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes**. Piracicaba- SP: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. 2002. 106p. (Dissertação- Mestrado em Agronomia).
- MICHEREFF, S. J. **Fundamentos de Fitopatologia**. UFRPE, 2001. v.1, 150p.
- MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada- Uma abordagem aplicada**. Belo horizonte: UFMG. 2007. v.1, 297p.
- MONTEIRO, E. R.; BASTOS, E. M.; LOPES, Â. C. A.; GOMES, R. L. F.; NUNES, J. A. R. Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. **Ciência. Rural**. 40:288-293, 2010.

- MONTGOMERY, D. C. **Design and analysis of experiments**. Hoboken, 2008, 656p.
- MOREIRA, S. O.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C. P.; SOUZA, E. M. R. Resistência a mancha-bacteriana e características agronômicas de linhas recombinadas de *Capsicum annuum* L. **Revista Ciências Agrárias**.10:198-204, 2015.
- NEUMANN, M.; RESTLE, J.; BRONDANI, I. L. Avaliação de silagens de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) ou milho (*Zea mays* L.) na produção do novilho superprecoce. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, 3:438-452, 2004.
- OLEMBO, K. N.; M'MBOYI, F.; KIPLAGAT, S.; SITIENEY, J. K.; OYUGI, F. K. *Sorghum* breeding in sub-saharan Africa: **The success stories**. Nairobi: ABSF. 2010. 40p.
- OLIVE, L. S.; LEFEBVRE, A. L.; SHERWIN, H. S. The fungus that causes sooty stripe of sorghum SSP. **Pytopathology**.36:190-200,1946.
- PARRELLA, R. A. C. Sorgo sacarino: Melhoramento genético do sorgo sacarino. **Revista Agroenergia**. 3:1-9, 2011.
- PEDROSA, R. A.; MAFFIA, L. A.; MIZUBUTTI, E. S. G.; BROMMONSCHENKEL, S. H. Componentes de resistência em cebola a *Colletotrichum gloeosporioides*. **Fitopatologia brasileira**. 29:606-6012, 2004.
- PERAZZO, A. F. **Avaliação agronômica de cultivares de sorgo no semiárido**. Salvador: Universidade Federal da Bahia, 2012. 62p. (Dissertação- Mestrado em Zootecnia).
- PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estratégias para eficiência da seleção de feijoeiro comum quanto á resistência à murcha-de-fusário. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 43:721-728, 2008.
- PRATES. G. L.; FERNANDES. C. J. M. Avaliando a taxa de expansão de lesões de *Bipolaris sorokiniana* em trigo. **Fitopatologia Brasileira**. 26:185-191, 2001.
- PREISIGKE, S. C. **Avaliação de resistência de espécie de Passiflora a patógeno de solo**. Universidade do Estado de Mato Grosso-Cáceres–MT. 2014. 56f. (Mestrado – Genética e Melhoramento de plantas).

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. P; SOUZA, E. A. de; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. UFLA, 2012.v.5, 565p.

RAMOS, T. C. D. A.; COTA, L. V.; SILVA, D. D.; COSTA, R. V.; LANZA, F. E.; NICOLI, A.; COSTA, G. M. C.; MOURA, L. O.; CORRÊA, C. L.; MARCONDES, M. **Resistência de sorgo à *Ramulispora sorghi***. In: **XXIX Congresso nacional de milho e sorgo**, Águas de Lindóia, SP. 2012 **Anais... SP: 2012. p.7.**

RAMOS, T. C. D. A.; COTA, L. V.; SILVA, D. D.; COSTA, R. V.; FIGUEREDO, J. E. F.; LANZA, F. E. **Componentes genéticos da resistência à *Ramulispora sorghi***. In: **XXX Congresso nacional de milho e sorgo**, Salvador, BA. 2014 **Anais... BA: 2014.p.5.**

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Willey, 1952. 390p.

R CORE TEAM. R. **A language and environment for statistical computing**. Disponível em: <https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/fullrefman.pdf>. Acesso em: 16 de Junho de 2016.

RIBAS, P. M. **Importância econômica do sorgo**. Embrapa Milho e Sorgo Sistema de Produção, 2010.

RODRIGUES FILHO, O.; FRANÇA, A.; F.; S.; OLIVEIRA, R. P.; OLIVEIRA, E. R.; ROSA, B.; SOARES, T. V.; MELLO, S. Q. S. Produção e composição bromatológica de quatro híbridos de sorgo forrageiro [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] submetidos a três doses de nitrogênio. **Goiânia.7:37- 48, 2006.**

ROHLF, F. J. **Numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1**. New York: Exeter software, 1962. v.2, 83p.

ROSSI, L. R.; REIS, E. M.; BRUSTOLIN, R. Morfologia de conídios e patogenicidade de isolados de *Exserohilum turcicum* da Argentina e do Brasil em milho. **Revista Summa Phytopathol**. 41:58-63, 2015.

SANTOS, E. **Validação de metodologias na seleção de cacaveiros á murcha de ceratocystis**. Ilhéus- Bahia: Universidade Estadual de Santa Cruz- (UESC), 2015, 44f. (Dissertação-Mestrado Fitopatologia).

SANTOS, F. G.; CASELA, C. R.; WAQUIL, J. M. **Melhoramento de sorgo**. In: Borém, A. (Ed). Melhoramento de espécies cultivadas. 2. Ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. 605-658p.

SANTOS, J. B. **Melhoramento de plantas visando resistência a doenças**. Lavras: UFLA/FAEPE, 2003.72p.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**. 30:507-512, 1974.

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

SILVA, J. L. L.; OLIVEIRA, F. T.; OLIVEIRA, T. C.; ARAUJO, K. L.; BARELLI, M. A. A.; CORRÊA, C. L. Relato de *Ramulispora sorghi*, agente etiológico da “Mancha de Ramulispora” em sorgo no estado de Mato Grosso (Cáceres). In: Congresso nacional de milho e sorgo, Salvador. 2014 **Anais...** Salvador: 2014. p.5.

SILVA, M. R. **Expansão de lesão como critério de avaliação da resistência à mancha-negra em aveia**. Universidade Federal do Rio Grande do Sul- UFRGS, 2009,100p. (Dissertação-Mestrado em Fitotecnia).

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy Berlin**, 11:30-40, 1962.

SOUZA, D. S. M. **Genótipos de soja resistentes à ferrugem, oriundos de germoplasma com ampla base genética**. Rondonópolis-MT: Universidade Federal de Mato Grosso, 2012. 94f. (Dissertação- Mestrado Ciências Agrárias).

SOUZA, J. R.; JUNIOR, A. L. B.; PERECIN, D.; FILHO, A. C.; DA COSTA, J. T. Divergência genética de cultivares de cana-de-açúcar quanto á resistência a *Diatraea saccharalis*. **Semina Ciências Agrárias**. 34:3367-3376, 2013.

SUDRÉ, C. P. **Divergência genética e avaliação da resistência à mancha bacteriana em *capsicum* spp**. Campos dos Goytacazes–RJ: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2003. 112f. (Dissertação- Mestrado Produção Vegetal).

TARDIN, F. G.; SANTOS, F. G. **Cultivo de Sorgo**. Sete Lagoas, Embrapa Milho e Sorgo, 2010. (Embrapa Milho e Sorgo, 6º edição).

TEIXEIRA, A. M.; RIBEIRO, G. O. J.; VELASCO, F. O.; FARIA, W. G. J.; RODRIGUES, N. M.; RODRIGUES, J. A. S.; MCALLISTER, T.; GONÇALVES, L. C. Intake na digestibility of sorghum (*Sorghum bicolor*, L. Moench) silages with diferente tannin contentes in sheep. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 43:14-19, 2014.

THOMAS, M. D.; BOCOUM, F.; THERA, A. Field inoculations of sorghum with sclerotia and conidia of *Ramulispora sorghi* formed in vivo. **Mycologia New York**. 85: 807-810, 1993.

TOLENTINO, D. C. **Qualidade de silagens de genótipos de sorgo**. Montes Claros: Universidade Estadual de Montes Claros, 2014. 73p. (Dissertação-Mestrado em Zootecnia).

TSCHURTSCHENTHALER, N. N.; VIEIRA, E. S. N.; NORA, T. D.; SHUSTER, I. Variabilidade genética de *Phakopsora pachyrhizi* avaliada por meio de marcadores microsatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 47:181-186, 2012.

TSUNECHIRO, A.; MARIANO, R. M.; MARTINS, V. A. Produção e preços de sorgo no Estado de São Paulo, 1991-2001. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**.1:5-24, 2002.

TUKEY, J. W. **Exploratory data analysis**. Addison-Wesley Publishing Company, 1977, 688p.

VAN DER PLANK, J. E. Plant Diseases: Epidemics and Control. Academic **Press**, **New York**. 349, 1963.

VIANA, C. A. S.; PIRES, M. C.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BLUM, L. E. B. Genótipos de maracujazeiro-azedo com resistência à bacteriose. **Bioscience Journal**. 591-598, 2014.

VON PINHO, R. G.; VASCONCELOS, R. C. **Cultura do sorgo**. Lavras: UFLA/FAEPE. 2002. 76p.

WESP, C. L.; MARTINELLI, J. A.; CHAVES, M. S.; GRAICHEN, F. A. S.; FEDERIZZI, L. Herança da resistência quantitativa à ferrugem da folha em linhagens recombinantes de aveia branca. **Tropical Plant Pathology**. 33:138-146, 2008.

WILLIAMS, R. J.; FREDERIKSEN, R. A.; GIRARD, J. C. **Sorghum and pearl millet disease identification handbook**. ICRISAT. Information bulletin, 1978. v.2, 88p.