

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE AGRONOMIA

JULIA NUNES PANIAGO PEREIRA

**IDENTIFICAÇÃO DE RAÇAS DE *Exserohilum turcicum* EM ÁREAS COMERCIAIS DE
MILHO NO BRASIL**

UBERLANDIA – MG
DEZEMBRO – 2019

JULIA NUNES PANIAGO PEREIRA

**IDENTIFICAÇÃO DE RAÇAS DE *Exserohilum turcicum* EM ÁREAS COMERCIAIS DE
MILHO NO BRASIL**

Trabalho de conclusão de curso
apresentado ao curso de Agronomia,
da Universidade Federal de
Uberlândia, para obtenção do grau de
Engenheiro Agrônomo.

Orientadora: Prof.^a Dr.^a
Nilvanira Donizete Tebaldi

UBERLÂNDIA– MG
DEZEMBRO – 2019

JULIA NUNES PANIAGO PEREIRA

**IDENTIFICAÇÃO DE RAÇAS DE *Exserohilum turcicum* EM ÁREAS COMERCIAIS DE
MILHO NO BRASIL**

Trabalho de conclusão de curso
apresentado ao curso de Agronomia,
da Universidade Federal de
Uberlândia, para obtenção do grau de
Engenheiro Agrônomo.

Aprovado pela Banca Examinadora em: 16 de dezembro de 2019.

Braz Tavares da Hora Junior
Membro da banca

Morgana Coelho Mamede
Membro da banca

Orientador: _____

Prof.^a Dr.^a Nilvanira Donizete Tebaldi

UBERLÂNDIA – MG
DEZEMBRO – 2019

SUMÁRIO

RESUMO	
1. INTRODUÇÃO	7
2. MATERIAL E MÉTODOS	10
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	15
4. CONCLUSÃO	21
REFERÊNCIAS.....	22

RESUMO

A doença foliar mancha de turcicum, causada pelo patógeno *Setosphaeria turcica*, ou mais conhecido pelo seu nome em sua forma sexuada, *Exserohilum turcicum*, é uma das doenças mais conhecidas e de grande importância econômica na cultura do milho (*Zea mays L.*), especialmente em regiões altas e subtropicais. Nos últimos anos, genótipos antes conhecidos como resistentes ao patógeno demonstraram em campo um comportamento não esperado de suscetibilidade. Já foram identificados ao redor do mundo diversas raças do patógeno, e para poder entender melhor a distribuição de cada raça e estudar a relação de cada uma, com a suplantação da resistência monogênica no milho, a identificação e mapeamento da frequência de cada raça se torna uma informação importante. Este estudo foi conduzido com dezoito amostras foliares coletadas em lavouras de milho nos estados de Minas Gerais e Rio Grande do Sul, durante a safra de 2018. Os isolados obtidos dessas amostras foram inoculados em seis linhagens diferenciadoras com diferentes tipos de resistência, em casa de vegetação. A identificação das raças foi baseada na avaliação qualitativa da reação de cada isolado nas linhagens diferenciadoras, sendo caracterizadas lesões de resistência ou suscetibilidade. No total de cinco diferentes raças encontradas, a raça zero foi a de maior frequência nos dois estados, seguida da raça 2, em Minas Gerais.

PALAVRAS-CHAVE: *Zea mays*, *Setosphaeria turcica*, linhagens diferenciadoras, mancha de turcicum.

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma cultura de grande importância para o agronegócio brasileiro, sendo o Brasil o terceiro maior produtor mundial. Para a safra total de 2019/2020 a produção estimada é de 98 milhões de toneladas, sendo que a safra 2018/19 foi recorde de produção totalizando em cerca de 100 milhões de toneladas (RUAS et al., 2019). A queima da folha do milho causada pelo patógeno *Setosphaeria turcica*, ou mais conhecido pelo nome de sua forma sexuada, *Exserohilum turcicum*, agente causal da doença foliar “Mancha de turcicum” é atualmente um dos maiores problemas fitossanitários que afetam a cultura do milho. (PINTO, 2004). Os primeiros relatos da doença foram na cidade de Perna na Itália, em 1876, por Passerini.

Ela é considerada uma das doenças foliares de maior importância não só no Brasil quanto em diversas regiões do mundo onde a cultura do milho é cultivada (ADIPALA et al., 1993). A condição ideal de desenvolvimento do patógeno é de ambiente úmido, com presença de orvalho, temperaturas entre 18°C e 27°C, e 20°C como sua temperatura ótima. Os sintomas típicos da doença são lesões foliares necróticas de coloração palha ou escura, com bordas bem definidas, largas, alongadas e grandes, com cerca de 2 a 15 cm de comprimento, e uma distribuição irregular na planta com propensão à coalescerem. (COTA et al., 2013)

Seu desenvolvimento também é favorecido quando há baixa intensidade luminosa, proporcionando assim uma queda na concentração de açúcares na planta. Com a presença das lesões necróticas nas folhas e sua seca prematura, é ocasionado a redução da interceptação da radiação solar e alterações na translocação de fotossintatos para o enchimento de grãos (ALVIM et al., 2010). A doença ocorre inicialmente nas folhas mais velhas, no terço inferior, e com o seu desenvolvimento pode progredir para a parte superior da planta. O desenvolvimento da doença começando pelo primeiro terço da planta se dá pelo fato que o agente causal é considerado um fungo necrotrófico de órgãos aéreos, que sobrevive de forma saprófita, nos restos culturais dos hospedeiros durante a entressafra. (REIS et al., 2011) A mancha de turcicum apresenta considerável potencial de dano à cultura, principalmente quando há a incidência com alto nível de severidade antes do embonecamento. (CASELA et al., 2002) pode ocasionar em até 50% de perda de produtividade, dependente da severidade e do estágio de desenvolvimento da cultura na época de infecção. (PEREIRA, 1997)

O método de controle mais eficaz do patógeno é o uso da resistência genética, podendo ser resistência vertical, também conhecida como monogênica ou qualitativa, ou resistência horizontal, conhecida como poligênica ou quantitativa (CAMPAÑA & PATAKY, 2005; FERGUSON & CARSON, 2007). A resistência qualitativa, fornece à planta altos níveis de resistência, em alguns casos até imunidade completa, dependendo das raças do patógeno que vão interagir com a mesma. Tal resistência é conferida por genes únicos de dominância. Já a resistência quantitativa é conferida por meio de vários genes, cada um com pequenos efeitos que geralmente são igualmente eficazes para todos os patótipos. (MILGROOM, 2015). O tipo de resistência qualitativa ao *E. turcicum* é conferida por quatro genes Ht (Ht1, Ht2, Ht3 e HtN). Atualmente essa resistência é a mais utilizada nos programas de melhoramento de milho, visando resistência à doença. (FERGUSON & CARSON, 2007). Entretanto, a resistência qualitativa é facilmente suplantada por novas raças do patógeno (McDONALD, 2002).

As raças podem ser definidas na biologia como populações geneticamente divergentes dentro de uma espécie oriunda de diferentes localidades e habitats ecológicos. Uma definição mais específica para o contexto da patologia vegetal é que as raças são definidas por fenótipos de virulência em genótipos vegetais da mesma espécie hospedeira. (MILGROOM, 2015). Assim, para se realizar a designação das raças, podemos analisar o gene de resistência que a raça em questão é capaz de suplantare (LEONARD et al., 1989). A importância da identificação das raças se dá pelo fato de que entendendo a frequência e distribuição de cada raça, pode-se estudar a relação de cada raça com a suplantação da resistência dos híbridos hoje utilizados tanto comercialmente quanto no processo de melhoramento, e assim elaborar estratégias visando um equilíbrio no sistema. Isso se deve ao fato de que a resistência a doenças conferida por genes de resistência se torna ineficaz com o tempo, já que raças virulentas aumentam sua frequência devido à seleção, à adaptação do patógeno à planta hospedeira. Essa perda de efetividade seria a suplantação da resistência. (MILGROOM, 2015).

Com a utilização de novos genes de resistência ou novas combinações de genes, ocorre a seleção dessas novas raças. Esse evento é chamado de “boom-and-bust cycle”, um ciclo de “altos e baixos”. A fase “alta” se dá quando uma nova fonte de resistência é introduzida no mercado, tendo um ótimo desempenho no controle do patógeno e conseqüentemente adesão dos agricultores, diminuindo assim a incidência da doença. Neste caso, o patógeno se encontra em um ambiente de

alta seleção para adaptação. E nos primeiros anos a resistência começa a ser suplantada pelas raças mais virulentas. Essa é a fase colapso do ciclo, onde as cultivares começam a ser substituídas por não apresentarem mais um comportamento de resistência. (MILGROOM, 2015). Segundo estudos, a resistência quantitativa pode ser utilizada para prolongar a vida útil dos genes de resistência, uma explicação para tal efeito é que a redução da população do patógeno ocasionada por tal resistência diminui o número de indivíduos a serem selecionados. (McDONALD, 2010)

O objetivo desse trabalho foi identificar e mapear a frequência das raças encontradas em amostras recebidas de áreas comerciais de regiões tropicais e subtropicais do Brasil, com incidência de mancha de turcicum durante o ano de 2018.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram coletadas amostras foliares (compostas de pelo menos três folhas de milho dos diversos campos visitados) com a presença de lesões típicas da doença foliar causada pelo patógeno *E. turcicum*, conhecida como mancha de turcicum no milho. Tais lesões são alongadas, de formato elíptico, com um tamanho variando de 2 a 15cm e coloração acinzentada necrótica. As amostras foram coletadas durante o período da safra (verão) do ano de 2018, em diversos campos de cultivo do milho, como detalhado na Figura 1, abrangendo regiões tropicais e subtropicais do Brasil.



Figura 1. Mapa de amostragem foliar de mancha de turcicum nas regiões tropicais e subtropicais do Brasil.

O isolamento foi realizado de duas maneiras, através do método de isolamento indireto e direto como descrito na literatura. (ALFENAS & MAFIA, 2007), onde foi possível identificar o crescimento de micélio do patógeno, cuja coloração típica se dá por acinzentado ou amarronzado nos tons claro ou escuro. E assim, a cultura pura foi obtida pela subcultura da borda principal da colônia fúngica e posteriormente incubada a aproximadamente 4 dias a 25°C, exposta a lâmpadas de luz do dia.

Através do método de isolamento direto, com o fungo desenvolvido e com boa quantidade de conídios na superfície foliar, foi realizado a coleta de um único conídio com o auxílio de uma agulha, que foi transferido para placa de Petri com meio de cultura (BDA), obtendo-se assim após a germinação e desenvolvimento desse único conídio uma cultura pura, monospórica de forma direta. Outro método utilizado para a obtenção de cultura monospórica, a partir do isolado indireto, foi pela repicagem do isolado puro obtido, em meio de cultura ágar-água. Foram dispostos pequenos fragmentos de micélio de forma bem espalhada no meio de cultura. Em seguida a placa foi incubada a uma temperatura média de 25°C e exposta à lâmpada de luz do dia. Cerca de três dias após a repicagem em meio ágar-água foi possível detectar a esporulação com o auxílio de uma lupa. Com a detecção dos conídios, os mesmos foram coletados individualmente e transferidos para placa de Petri, contendo meio de cultura BDA como mencionado anteriormente, para seu desenvolvimento como cultura monospórica pura.

Para a produção do inóculo foi necessário a obtenção de uma maior quantidade de conídios de cada amostra monospórica, para isso, o método utilizado foi o de esporulação por secagem do micélio (BOTELHO et al., 2013) onde foi utilizado fragmentos do meio BDA colonizado inteiramente pelo isolado monospórico. Tal mistura foi submetida à agitação em mesa agitadora à uma velocidade de 160 rpm e temperatura de 24 °C, por aproximadamente 4 dias ou até que a coloração do meio mudasse de uma coloração avermelhada típica do meio de cultura, para uma coloração acinzentada ou preta, onde indicava que o fungo teve bom crescimento. Posteriormente tal mistura já de coloração alterada foi filtrada com o auxílio de uma tela fina, até que o máximo de umidade fosse retirada dos micélios. O micélio resultante desse processo, com o mínimo de umidade possível, foi transferido para uma caixa gerbox com um fundo de papel filtro duplo seco, onde foi espalhado de forma que tivesse o maior contato possível com a superfície para maior absorção da umidade.

A caixa foi incubada a uma temperatura média 25 °C e exposta a lâmpadas de luz do dia, até que foi identificado com o auxílio de uma lupa, a presença significativa de conídios na superfície dos micélios. Certificando-se da boa produção de conídios, as caixas gerbox contendo as amostras foram armazenadas em geladeira á 4 °C onde mantiveram viabilidade por cerca de um mês.

O inóculo foi preparado em tubos de ensaio com tampa, cada tubo contendo 50 mL de água com uma gota do adjuvante Tween 20, e a adição dos fragmentos de micélios contendo conídios obtidos através do método de secagem do micélio. Tal mistura foi levemente agitada para que os conídios dos fragmentos adicionados fossem dispersos na solução. Após a agitação os fragmentos foram retirados com uma pinça esterilizada e a suspensão conidial estava pronta para ser imediatamente inoculada.

Em casa de vegetação, 5 sementes de cada linhagem diferenciadoras foram semeadas por vaso de 3L contendo a proporção de 2, de substrato e terra de barranco, respectivamente. Vasos extra foram semeados em caso de má germinação. As seis linhagens diferenciadoras SHY034-5053 com resposta de extrema susceptibilidade a qualquer raça de *Et* que serviu como um controle positivo, comprovando o sucesso da inoculação e desenvolvimento da doença com lesões bem desenvolvidas; TSY-AV15-5003QQV contendo o gene Ht1, A619HT2 contendo gene Ht2, OH43HT3 contendo gene Ht3, a expressão da resistência conferida pelos genes Ht1, Ht2 e Ht3 resulta em lesões cloróticas com pouca esporulação do patógeno, a linhagem B37HTN contendo gene HtN, que provoca aumento no período de incubação e retardamento do início da expressão dos sintomas da doença (COTA et al., 2013). Foram utilizados seis vasos para cada isolado, cada vaso com cinco plantas de uma linhagem diferenciadora. Para o número total de 28 isolados, foram inoculadas 30 plantas com cada isolado monospórico. Os números finais foram 168 vasos semeados com 5 sementes em cada, equivalendo a e 840 plantas inoculadas.

O ensaio foi conduzido em casa de vegetação com sistema de irrigação por gotejamento e nebulização controlada, visando manter o bom desenvolvimento da planta e um ambiente úmido propício para o desenvolvimento do patógeno.

Para a realização da inoculação foi instalado uma câmara úmida nos vasos com o uso de lona plástica transparente por cerca de 24 horas anterior e posterior a inoculação. A suspensão conidial (inóculo) foi preparada e inoculada quando as plantas atingiram em sua maioria o estágio

fenológico de V4, ou seja, com quatro folhas bem definidas. A inoculação foi realizada agitando-se a suspensão conidial antes da pulverização, para que não houvesse uma concentração de conídios precipitados. A pulverização foi realizada com o auxílio de pulverizadores manuais, criando-se gotículas bem finas para boa deposição do inóculo no limbo foliar de forma a evitar o escorrimento.

Após a inoculação dos isolados monospóricos as plantas apresentaram sinais de infecção no período de aproximadamente 48 á 72 horas após inoculação, sendo eles pequenas pontuações cloróticas. Após o desenvolvimento da lesão (16 dias após a inoculação), onde foi possível realizar a diferenciação de lesões de susceptibilidade ou de resistência, as mesmas foram classificadas. A classificação foi baseada seguindo a literatura estudada, enquadrando como lesões de resistência: lesões com clorose predominantemente circundando lesão necrótica, e de susceptibilidade caracterizadas por lesões elípticas necróticas de coloração palha, verde-oliva, sem borda clorótica e com possível esporulação (JINDAL et al., 2019).

Os sintomas foram avaliados em dois momentos, a primeira avaliação foi realizada 16 dias após a inoculação, quando foi observado a grande maioria das plantas com sintomas bem desenvolvidos. E a segunda avaliação foi realizada 22 dias após a inoculação, totalizando assim o intervalo de 6 dias entre as avaliações. A segunda avaliação foi realizada para confirmar os dados coletados na primeira e avaliar sintomas de isolados que tiveram um período de incubação maior. As lesões foram analisadas baseadas em suas características sintomáticas, seguindo os métodos encontrados em literatura, onde as raças são designadas de acordo com os genes de resistência com os quais sua virulência corresponde, sendo consideradas resistentes (lesões cloróticas estreitas rodeadas por clorose amarela sem esporulação) ou susceptíveis (lesões elípticas necróticas de coloração palha, verde-oliva, sem borda clorótica e com esporulação), tamanho das lesões, numero de lesões, e nível de esporulação. (JINDAL et al., 2019). A partir da classificação da lesão, a raça do patógeno inoculado foi identificado seguindo a resposta de interação gênica entre raças do *E. turcicum* e a planta hospedeira são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Interação gênica entre raças do patógeno *Exserohilum turcicum* e a planta hospedeira.

Raça do Patógeno	Linhagens diferenciadoras				
	SHY034-5053	TSY-AV15-5003QQV	A619HT2	OH43HT3	B68HTN
	Reação do gene Ht				
	SS	Ht1	Ht2	Ht3	HtN
0	S	R	R	R	R
1	S	S	R	R	R
2	S	R	S	R	R
3	S	R	R	S	R
N	S	R	R	R	S
12	S	S	S	R	R
2N	S	R	S	R	S
23	S	R	S	S	R
23N	S	R	S	S	S
123N	S	S	S	S	S

R = resistente (lesões cloróticas estreitas rodeadas por clorose amarela sem esporulação), e S = susceptíveis (lesões elípticas necróticas de coloração palha, verde-oliva, sem borda clorótica e com esporulação) (JINDAL et al., 2019).

A raça zero indica a falta de virulência no milho, com qualquer um dos genes Ht. A raça 1 indica sua virulência para o gene Ht1, (LEONARD et al., 1989) e as demais raças podem ser definidas seguindo a lógica da tabela (GALIANO-CERNEIRO & MIEDANER, 2017).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Da totalidade de 28 isolados, sendo 16 isolados da região tropical e 12 da região subtropical de campos comerciais do Brasil durante a safra 2018/2019, foram designadas sete diferentes raças como descrito na Tabela 2, sendo que apenas 5 delas foram constatadas na região tropical. A frequência de cada raça das amostras identificadas no Brasil (Figura 1, Tabela 1) pode ser consultada na Figura 2.

Tabela 2. Quantidade de isolados identificados por raça na região tropical, subtropical e total do Brasil na safra de 2018/2019.

Patótipo	Subtropical	Tropical	Brasil
0	3	9	12
1	1	3	4
2	3	2	5
3	0	0	0
N	1	0	1
12	1	0	1
2N	0	0	0
23	1	1	2
23N	2	1	3
123N	0	0	0

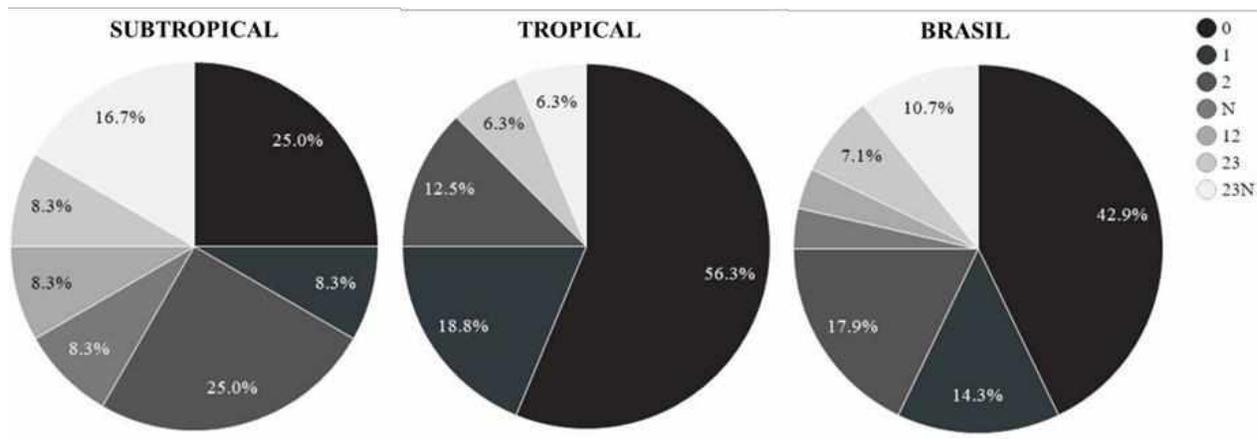


Figura 2. Frequência das raças de *E. turcicum* identificadas em regiões tropicais e subtropicais do Brasil.

De forma geral a raça de maior predominância no país foi a raça 0. Na região tropical a mesma corresponde á 56,3% das amostras identificadas e 25% na região subtropical. A segunda raça de maior frequência das amostras gerais foi a raça 2, com 17,9%, seguida da raça 1 com 14,3%, raça 23N com 10,7%, raça 23 com 7,1% e ambas raças N e 12 com 3,55% de representatividade.

Na região tropical, a segunda raça de maior frequência foi a raça 1, correspondendo a 18.8% das amostras totais da região, seguida da raça 2 (12,5%), raça 23 (6.3%) e raça 23N (6.3%). Na região subtropical, as raças de maior frequência foram a raça 0 e a raça 2, cada uma com representatividade equivalente à 25% das amostras totais identificadas da região. A raça 23 representa 16,7% das amostras, e as demais raças 1, N, 12 e 23 apresentam a mesma frequência de 8.3% cada. As raças 3, 2N e 123N não foram observadas neste conjunto amostral em ambas regiões.

Na Tabela 3 os valores dos índices de diversidade, riqueza e equabilidade das populações de *E. turcicum* são apresentadas. A diversidade é composta basicamente de dois aspectos, sendo eles a riqueza e a uniformidade da população. A riqueza é definida como o número de diferentes tipos patogênicos de uma população, assim, pode-se considerar que quando há um aumento de diversidade, conseqüentemente haverá um aumento da riqueza. A equabilidade se dá pela distribuição das raças na população, caso em uma população haja um pequeno número de patótipos, a equabilidade será baixa e conseqüentemente a diversidade também. O maior índice de diversidade é encontrado quando há a combinação dos dois fatores. (GRÜNWALD et al., 2003)

Tabela 3. Índices de riqueza, diversidade e equibilidade da população de *E. turcicum* coletada na região tropical e subtropical do Brasil.

População	N	n	H'	N₁	G	E(gn)	E_s
Tropical	16	5	1.24 (1.05-1.43)	3.46 (2.60-4.32)	2.66 (1.81-3.51)	4.44	0.674797
Subtropical	12	7	1.82 (1.60-2.04)	6.17 (5.52-6.82)	5.53 (4.89-6.17)	7	0.876209
Brasil	28	7	1.61 (1.45-1.77)	5.09 (4.39-5.79)	3.92 (3.18-4.66)	5.23	0.713936

N, tamanho da amostra; n, número de patótipos; H', índice de diversidade de Shannon-Wiener; N₁, índice N₁ de Hill; G, índice de diversidade de Stoddart e Taylor; E(gn), riqueza estimada pelo método de rarefação do menor número de amostra; E_s, índice de equabilidade. Valores em parentêse representam Intervalo de confiança (IC) à 95% baseado em bootstrap com 1000 interações.

A diversidade genotípica mensura tanto a riqueza quanto a abundância, existem três formas de estima-la, uma delas é pelo índice de diversidade de Shannon-Wiener (H') que comprova que as amostras coletadas na região subtropical (1.82) apresentam uma maior diversidade quanto comparadas com as da região tropical (1.24), significativo ao intervalo de confiança à 95%. Os índices de diversidade de N₁ de Hill e Stoddart e Taylor (G) também confirmam uma maior diversidade na população Subtropical, ambos significativos à IC 95%.

A equabilidade (E_s) estima a distribuição dos patótipos abundantes, onde em uma população com uma mesma proporção entre os patótipos, o valor encontrado seria 1, e uma população onde se encontra apenas um genótipo seria equivalente ou próximo de 0. Nos valores encontrados temos 0,6748 para a região tropical, e 0,8762 para a região subtropical, conclui-se que a região subtropical apresenta uma distribuição maior de diferentes patótipos.

Podemos estimar com gráfico da Figura 3, a riqueza para três populações, usando do método de rarefação do menor número de amostra (n = 12). As três populações são referentes à

população encontrada na região tropical, na subtropical e a total abrangendo ambas, identificada como Brasil.

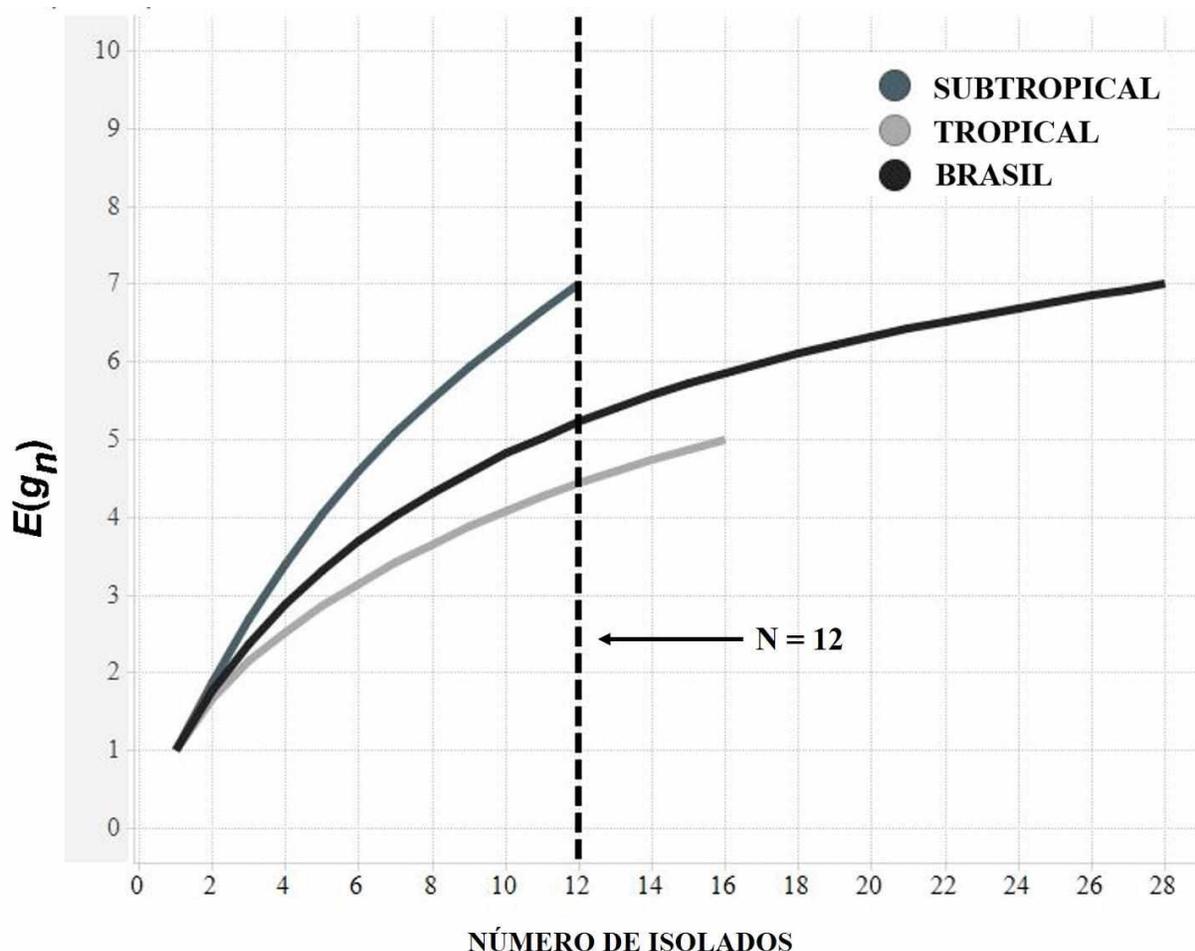


Figura 4. Riqueza estimada das populações da região subtropical, tropical e do Brasil pelo método de rarefação do menor número de amostra.

A riqueza na população subtropical é maior que a riqueza populacional da região tropical ou em relação ao total de isolados amostrados (Brasil). Entre os 10 possíveis patótipos segundo a sistema de classificação proposto por Leonard et al., (1989), 7 patótipos foram observados na região Subtropical e no total amostrado, sendo as raças N e 12 somente foram detectadas nesta região. Assim podemos concluir que a região subtropical, mesmo com um número menor de isolados coletados quando comparada com a região tropical, apresentou uma maior riqueza populacional, que como mencionado previamente, é um cenário que pode ser explicado pelo maior

uso recorrente de materiais resistentes, utilizando-se novos genes de resistência ou novas combinações de genes, ocasionando na seleção de novas raças (MILGROOM, 2015).

O estudo de identificação de raças já foi realizado em diversos países, em um estudo realizado, foram encontradas uma grande diversidade de raças com amostras coletadas em diversas regiões do Quênia, da Alemanha e da Áustria. Porém algumas raças mostraram maior dominância que outras. No Quênia foi encontrado a maior diversidade de raças, e a raça 0 foi a de maior frequência, equivalendo a 28,8% das 12 raças identificadas. (MUIRU et al., 2010)

Segundo um estudo realizado nos Estados Unidos, as raças observadas ao passar dos anos não foram constantes, e fazendo uma análise temporal foi constatado que o número de raças observadas com o decorrer dos anos aumentou. Dentre as raças encontradas, a raça 0 foi a mais predominante dentre os isolados que foram obtidos entre 1979 e 1985 e em 2014. (WEEMS et al., 2018)

A Tabela 4 contém o perfil da interação compatível (S) e incompatível (R) do patógeno *E. turcicum* e a planta hospedeira de todos os isolados identificados á nível de raça nesse presente estudo.

Tabela 4. Interação gênica entre raças do patógeno *E. turcicum* e a planta hospedeira dos isolados identificados a nível de raça.

População	Isolado ID	Cidade de origem	Latitude	Longitude	Patótipos	Linhagem				
						S	R (Ht1)	R (Ht2)	R (Ht3)	R (HtN)
Subtropical	201926	COXILHA-RS	-28.143036	-52.346735	1	S	S	R	R	R
Subtropical	201927	IBIAÇA-RS	-28.091509	-51.875772	2	S	R	S	R	R
Subtropical	201903	INDEPENDENCIA-RS	-27.883497	-54.234148	23	S	R	S	S	R
Subtropical	201923	PALMEIRA DAS MISSÕES-RS	-28.043473	-53.482389	0	S	R	R	R	R
Subtropical	201922	PALMEIRA DAS MISSÕES-RS	-28.043473	-53.482389	23N	S	R	S	S	S
Subtropical	201924	PEJUÇARA-RS	-28.334983	-53.652385	0	S	R	R	R	R
Subtropical	201925	PEJUÇARA-RS	-28.334983	-53.652385	12	S	S	S	R	R
Subtropical	201905	QUATRO IRMÃOS-RS	-27.89798	-52.484266	2	S	R	S	R	R
Subtropical	201909	SANTA BARBARA DO SUL-RS	-28.299635	-53.200376	2	S	R	S	R	R
Subtropical	201912	SANTA ROSA-RS	-27.982107	-54.539163	0	S	R	R	R	R
Subtropical	201907	SANTO AUGUSTO-RS	-27.95283	-53.799889	N	S	R	R	R	S
Subtropical	201904	SARANDI-RS	-27.910061	-52.803058	23N	S	R	S	S	S
Tropical	201919	ALTEROSA-MG	-21.15386	-46.448105	0	S	R	R	R	R
Tropical	201932	ARAGUARI-MG	-18.784542	-47.946404	0	S	R	R	R	R
Tropical	201934	ARAGUARI-MG	-18.784542	-47.946404	2	S	R	S	R	R
Tropical	201916	BOA ESPERANÇA-MG	-21.096355	-45.672977	0	S	R	R	R	R
Tropical	201917	CARMO DO RIO CLARO-MG	-20.95363	-46.202953	0	S	R	R	R	R
Tropical	201915	INDIANOPOLIS-MG	-18.914354	-47.748764	1	S	S	R	R	R
Tropical	201935	IRÁÍ DE MINAS-MG	-18.98045	-47.39024	23N	S	R	S	S	S
Tropical	201937	LAGOA FORMOSA-MG	-18.837326	-46.52206	2	S	R	S	R	R
Tropical	201921	MACHADO-MG	-21.693624	-45.867081	0	S	R	R	R	R
Tropical	201946	MONTE CARMELO-MG	-18.4329	-47.2955	0	S	R	R	R	R
Tropical	201950	PERDIZES-MG	-19.406034	-47.342186	1	S	S	R	R	R
Tropical	201940	PRESIDENTE OLEGÁRIO-MG	-18.197399	-46.440117	0	S	R	R	R	R
Tropical	201939	PRESIDENTE OLEGÁRIO-MG	-18.197418	-46.439449	23	S	R	S	S	R
Tropical	201947	SACRAMENTO-MG	-19.64879	-47.513359	0	S	R	R	R	R
Tropical	201936	SANTANA DE PATOS-MG	-18.833719	-46.603031	1	S	S	R	R	R
Tropical	201938	SERRA DO SALITRE-MG	-19.20858	-46.555893	0	S	R	R	R	R

CONCLUSÃO

Foram identificadas através de 28 amostras coletadas em áreas comerciais de milho no Brasil, 7 diferentes raças. Foram elas: raça 0, 1, 2, N, 12, 23, 23N. Visto que na região tropical, do total de 16 amostras, foram identificadas apenas 5 das raças mencionadas, sendo elas: raça 0, 1, 2, 23, e 23N. Evidenciando uma maior diversidade populacional de *E. turcicum* na região subtropical do Brasil onde foram constatadas todas as 7 raças relatadas no estudo.

REFERÊNCIAS

- ADIPALA, E.; LIPPS, P. E.; MADDEN, L. V. Occurrence of *Exserohilum turcicum* on maize in Uganda. **Plant Disease**, St. Paul, v. 77, p. 202-205, 1993.
- ALFENAS, A. C.; MAFIA, R. G. Isolamento de fungos fitopatogênicos. **Métodos em fitopatologia**. Viçosa: Ed. UFV, p. 53-90, 2007.
- ALVIM, K.R DE T.; DE BRITO, C.H.; GOMES, L.S.; BRANDÃO, A.M.; OLIVEIRA, F.H. Severidade e Controle da Helminthosporiose Comum (*Exserohilum turcicum*) em oito Híbridos Comerciais em Jataí-GO. **XXVIII Congresso Nacional de Milho e Sorgo**, Goiânia: Associação Brasileira de Milho e Sorgo. 2010.
- BOTELHO, D. M. S.; RESENDE, M. L. V.; RIBEIRO JUNIOR, P. M.; PATRÍCIO, F. R. A.; PEREIRA, E. A.; CARVALHO, C. A.; MARTINS, S. A.; SILVA JUNIOR, M. B. Avaliação de dois métodos de preservação de *Cercospora coffeicola*. **VII Simpósio de Pesquisa dos cafés do Brasil**, Salvador, 2013.
- CAMPAÑA, A.; PATAKY, J. K. Frequency of the Ht1 gene in populations of sweet corn selected for resistance to *Exserohilum turcicum* race 1. **Phytopathology**, St. Paul, v. 95, p. 85- 91, 2005.
- CARSON, M. L. Response of a maize synthetic to selection for components of partial resistance to *Exserohilum turcicum*. **Plant Disease**, St. Paul, v. 90, p. 910-914, 2006.
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A. DA S.; FERNANDES, F.T.; PINTO, N.F.J. DE A. **Cultivo do milho: doenças foliares**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. 2002. 5p. (EMBRAPA CNPMS - Comunicado Técnico n.48).
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A. DA S.; FERNANDES, F.T.; PINTO, N.F.J. DE A. **Cultivo do milho: doenças**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. 2006. 2ª edição
- COTA, L.V.; DA SILVA, D.D.; COSTA, R.V.; Helminthosporiose Causada por *Exserohilum turcicum* na Cultura do Milho, **Circular Técnica 195**, Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. 2013.
- FERGUSON, L. M.; CARSON, M. L. Temporal variation in *Setosphaeria turcica* between 1974 and 1994 and origin of races 1, 23, and 23N in the United States. **Phytopathology**, St. Paul, v. 97, p. 1501-1511, 2007.

GALIANO-CARNEIRO, A. L.; MIEDANER, T. Genetics of Resistance and Pathogenicity in the Maize/*Setosphaeria turcica* Pathosystem and Implications for breeding. **Front. Plant Science**. v.8, article 1490, 2017.

GRÜNWARD, K. J.; GOODWIN, S. B.; MILGROOM, M. G.; FRY, W. E. Analysis of Genotypic Diversity Data for Populations of Microorganisms. **The American Phytopathological Society**, Vol. 93, No. 6, 2003.

JINDAL, K. K., TENUTA, A. U., WOLDEMARIAM, T., ZHU, X., HOOKER, D. C., REID, L. M., Occurrence and Distribution of Physiological races of *Exserohilum turcicum* in Ontario, Canada, **Plant Disease**, v. 103, n°.7, 103: 1450-1457, 2019.

LEONARD, K. J.; LEVY, Y.; SMITH, D. R. Proposed Nomenclature for Pathogenic Races of *Exserohilum turcicum* on Corn. **Plant Disease**, v.79, n°9, p.776-777, 1989.

McDONALD, B. A.; LINDE, C. Pathogen population genetics, evolutionary potential, and durable resistance. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 40, p. 349-379, 2002.

McDONALD, B. How Can We Achieve Durable Disease Resistance in Agricultural Ecosystems? **The New Phytologist**, vol. 185, n°. 1, pp. 3-5, 2010.

MILGROOM, M. G. Population Biology of Plant Pathogens. **The American Phytopathological Society**, 2015.

MUIRU, W. M.; KOOPMANN, B.; TIEDEMAN, A.V.; MUTITU, E.W.; KIMENJU, J. W. Race Typing and Evaluation of Aggressiveness of *Exserohilum turcicum* Isolates of Kenyan, German and Austrian Origin. **World Journal of Agricultural Sciences**, v. 6, p. 277-284, 2010.

PASSERINI. Lanebbia Delgranotur Co. Bol. Comiz, **Agriculture Permanense**, 10:3, 1876.

PATAKY, J. K.; PERKINS, J. M.; LEATH, S. Effects of qualitative and quantitative resistance on the development and spread of northern leaf blight of maize caused by *Exserohilum turcicum* races 1 and 2. **Phytopathology**, St. Paul, v. 76, p. 1349- 1352, 1986.

PATAKY, J. K.; RAID, R. N.; DU TOIT, L. J.; SCHUENEMAN, T. J. Disease severity and yield of sweet corn hybrids with resistance to Northern leaf blight. **Plant Disease**, St. Paul, v. 82, p. 57-63, 1998.

PEREIRA, O.A.P. Doenças do milho. In: KIMATI, H.; AMORIN, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A.; REZENDE, J.A.M. (Ed.). **Manual de fitopatologia**. 3. ed. São Paulo: Ceres, 1997. p.538-555.

PINTO, N. F. J. A.; Controle químico de doenças foliares em milho, **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.3, n.1, p.134-138, 2004.

REIS, E. M.; BARUFFI, D.; REMOR, L.; ZANATTA, M.; Decomposição dos restos culturais do milho e da soja sob condições de campo e sua função como fonte de inóculo primário. **Summa Phytopathologica**. v.37, n.1, p.65-67, 2011.

RUAS, J. F.; SALVADOR, M. A.; AMAZONAS, L.; GUTH, T. L. F.; NOGUEIRA, B. P.; JÚNIOR, S. R. G. S.; SOARES, F. M. S.S.; **Acomp. safra bras. grãos**, v. 7 Safra 2019/20 - Terceiro levantamento, Brasília, p. 1-28, dezembro 2019.

WEEMS, J. D.; BRADLEY, C. A.; *Exserohilum turcicum* race Population Distribution in the north Central United States. **Plant Disease**. v. 102, p. 292-299, 2018.