

Virulência de isolados de *Colletotrichum gloeosporioides* de populações selvagens de *Stylosanthes* spp.

Eduardo Alano Vieira⁽¹⁾, Maria José d'Ávila Charchar⁽¹⁾, Marília Santos Silva⁽¹⁾
e José Ribamar Nazareno dos Anjos⁽¹⁾

⁽¹⁾Embrapa Cerrados, BR 020, Km 18, Caixa Postal 08223, CEP 73310-970 Planaltina, DF. E-mail: vieiraea@cpac.embrapa.br, mdavila@cpac.embrapa.br, marilia@cpac.embrapa.br, ribamar@cpac.embrapa.br

Resumo – Os objetivos deste trabalho foram determinar o padrão de virulência/avirulência e as raças de 274 isolados brasileiros de *Colletotrichum gloeosporioides* de populações selvagens de *Stylosanthes* spp. dos estados de Goiás, Bahia e Minas Gerais, em 12 acessos diferenciadores, e agrupar os isolados de acordo com a similaridade em virulência. Culturas monospóricas dos isolados foram aspergidas sobre plântulas de 12 acessos diferenciadores. A aferição dos resultados (virulência/avirulência) foi realizada dez dias após as inoculações. A maioria dos isolados brasileiros de *C. gloeosporioides* de populações selvagens de *Stylosanthes* spp. apresenta baixa capacidade de virulência, e a raça predominante não apresenta virulência a nenhum dos acessos diferenciadores avaliados. Não existe padrão de distribuição da variabilidade em virulência entre os isolados em função do estado de origem.

Termos para indexação: antracnose, raças fisiológicas, série diferencial, leguminosa forrageira tropical, resistência genética.

Virulence of *Colletotrichum gloeosporioides* isolates from wild *Stylosanthes* spp. populations

Abstract – The objectives of this work were to determine the virulence/avirulence pattern and the races of 274 isolates of *Colletotrichum gloeosporioides* from wild populations of *Stylosantes* spp. from the states of Goiás, Bahia and Minas Gerais, in 12 differential plants as well as to group the isolates according to of their similarity in virulence. Monosporic cultures of the isolates were inoculated onto 12 accessions of differential plants. Results (virulence/avirulence) were surveyed ten days after inoculation. Most Brazilian isolates of *C. gloeosporioides* from wild populations of *Stylosanthes* spp. presented low virulence capacity, the predominant race does not present virulence to any of the accessions of differential plants evaluated and besides there is no pattern of virulence variability distribution among the isolates by state of origin.

Index terms: anthracnose, physiological races, differential series, tropical legume forage, genetic resistance.

Introdução

Determinadas espécies forrageiras do gênero *Stylosanthes* destacam-se entre as leguminosas tropicais por sua elevada capacidade produtiva, rusticidade, qualidade nutricional, adaptação a diferentes condições climáticas, tolerância à seca, tolerância ao alumínio, tolerância a pastejo pesado e capacidade de recuperação de solos degradados, especialmente quanto à fixação de nitrogênio (Gardener, 1984; Andrade et al., 2004). O principal centro de origem e diversidade do gênero é o Brasil, porém o gênero pode ser encontrado naturalmente desde a América Central até a América do Sul (Willians et al., 1984).

A antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. & Sac. fase teleomórfica *Glomerella cingulata* (Stonem.) Spauld. & Schrenk., é a moléstia mais prejudicial e prevalente do gênero *Stylosanthes*. Ocorre em todas as regiões onde a forrageira é cultivada, e é mais severa na época das chuvas, uma vez que o fungo necessita de umidade relativa do ar acima de 95% e de uma camada de água livre na folha para iniciar a infecção. Entretanto, elevadas precipitações reduzem sua severidade (Davis, 1987).

A utilização de *Stylosanthes* de forma comercial vêm sendo limitada, principalmente em razão da susceptibilidade da maioria das cultivares à antracnose (Milles & Lascano, 1997), aliada à baixa produtividade

de sementes (Andrade et al., 2004). Essa moléstia causa prejuízos à cultura, uma vez que ataca toda a parte aérea da planta, afeta a produtividade (forragem e sementes), o estabelecimento e a persistência no campo de cultivares susceptíveis (Chakraborty, 2004). Diante disso, cresce a importância da utilização de cultivares geneticamente resistentes. Entretanto, a resistência tem se mostrado transiente (Davis et al., 1984; Trutmann, 1994; Cameron et al., 1997; Guodao et al., 1997; Miles & Lascano, 1997).

A elevada plasticidade genética do fungo é apontada como a principal causa para a rápida seleção de raças virulentas às cultivares lançadas como resistentes, o que dificulta o controle da moléstia (Davis et al., 1984; Miles & Lascano, 1997). Portanto, há necessidade de estudos sobre a variabilidade em virulência das populações do patógeno, em especial no Brasil, considerado o centro de origem do patossistema (Chakraborty et al., 2004a).

Pesquisas realizadas com isolados coletados em populações selvagens do hospedeiro na América do Sul mostram a existência de ampla variabilidade em virulência nas populações do patógeno (Kelemu et al., 1996; Chakraborty et al., 2002, 2004a; Charchar et al., 2003) e que a variabilidade em virulência das populações sul-americanas é superior à das populações da Austrália, Índia e China (Chakraborty et al., 1996, 2004b).

Os objetivos deste trabalho foram determinar o padrão de virulência/avirulência e as raças de 274 isolados brasileiros de *Colletotrichum gloeosporioides* de populações selvagens de *Stylosanthes* spp. dos estados de Goiás, Bahia e Minas Gerais, em 12 acessos diferenciadores e agrupar os isolados de acordo com a similaridade em virulência.

Material e Métodos

No período de 1997 a 2000, foram coletadas folhas, caules e hastes com sintomas de antracnose (*C. gloeosporioides*), em populações selvagens de *Stylosanthes* spp. em 24 municípios dos Estados de Goiás, Minas Gerais e Bahia (Tabela 1), com distância de aproximadamente 50 km entre cada ponto de coleta. As amostras coletadas foram acondicionadas, isoladamente, em envelopes de papel com a identificação do local e data de coleta.

No Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Cerrados, em Planaltina, DF, pedaços de aproximadamente 5 mm das amostras coletadas de tecido infectado foram desinfestadas em 1% de NaOCl, durante

2 min, e lavadas com água estéril. Depois da secagem em papel estéril, o material foi transferido para meio de cultura batata-dextrose-ágar (BDA) com estreptomicina e incubado a 26°C por uma semana. A cultura monospórica de cada isolado, obtida a partir de um único esporo germinado, foi preservada em pequenos frascos com água estéril e em tubos com meio de cultura (BDA) à temperatura constante de 20°C.

Os isolados foram multiplicados em meio ágar-aveia, em câmara de crescimento a 26°C, com fotoperíodo de 12 horas. Após dez dias, a suspensão de esporos foi filtrada em gaze dupla esterilizada, para remoção do micélio do patógeno e ajustada para a concentração de 10⁶ conídios por mL. Cerca de 35 dias após a semeadura, a suspensão de esporos foi aspergida em plântulas dos 12 acessos diferenciadores de *Stylosanthes* spp. (Tabela 2). Foram utilizados os 11 acessos diferenciadores indicados por Chakraborty et al. (2002) e mais a cultivar Mineirão, adicionada à série diferencial por sua relevância no Brasil (Charchar et al., 2003; Andrade et al., 2004). Depois desse procedimento, as plântulas foram incubadas em câmara úmida por 48 horas a 26°C.

Tabela 1. Relação dos 274 isolados de *Colletotrichum gloeosporioides* utilizados com indicação do número de isolados dos municípios e estados de coleta.

Município	Estado	Nº de isolados
Alvorada do Norte	GO	3
Curvelo	MG	5
Bom Despacho	MG	2
Bom Jesus da Lapa	BA	4
Buritis	MG	31
Cabeceiras	GO	33
Caetité	BA	18
Brumado	BA	2
Capão da Volta	BA	6
Correntina	BA	4
Diamantina	MG	71
Janaúba	MG	1
Barreiras	BA	3
João Pinheiro	MG	2
Lençóis	BA	33
Luislândia	MG	29
Padre Bernardo	GO	1
Paracatu	MG	2
Pirapora	MG	10
Posse	GO	1
Roda Velha	BA	3
São João da Ponte	MG	2
Três Marias	MG	2
Urucuaia	MG	6
Total		274

Dez dias após a aspersão dos acessos diferenciadores, foi efetuada a aferição dos resultados, por meio da escala de notas descrita por Chakraborty (1990) e adaptada para a avaliação de isolados brasileiros do fungo por Charchar et al. (2003), que varia de 0 a 9, em função da porcentagem de tecido necrosado, em que 0, sem sintomas; 1, 1 a 3%; 2, 4 a 6%; 3, 7 a 12%; 4, 13 a 25%; 5, 26 a 50%; 6, 51 a 75%; 7, 76 a 87%; 8, 88 a 94% e 9, 95 a 100%. As notas de 0 a 3 foram consideradas como indicativo de resistência do hospedeiro (infecção baixa/avirulência) e as notas de 4 a 9 foram consideradas como indicativo de suscetibilidade do hospedeiro (infecção alta/virulência), segundo o critério proposto por Charchar et al. (2003). Dessa forma, cada isolado apresentou padrão próprio de tipos de infecção alta e baixa (virulência/avirulência) quanto aos acessos diferenciadores utilizados.

Em decorrência das dificuldades oriundas do estabelecimento de critérios para a determinação do grau de agressividade do patógeno, a melhor maneira para a determinação das raças é por meio da análise multivariada, considerando a relativa agressividade dos isolados e, assim, os agrupando pela similaridade em agressividade Chakraborty (2004). Entretanto, essa

estratégia pode levar a problemas quando outros pesquisadores tentam comparar os resultados obtidos em seus trabalhos com os obtidos por outros grupos de pesquisa. Neste trabalho é proposto uma alternativa que também se baseia no nível de agressividade do patógeno, para a determinação da raça de isolados do patógeno. Para estabelecer essa alternativa, foi selecionado um conjunto de acessos diferenciadores robusto e utilizado um critério definido para a distinção entre alto e baixo nível de infecção e, a partir dessas decisões, foram determinadas as raças dos patógenos.

Os isolados receberam denominações de acordo com o sistema de nomenclatura proposto neste trabalho (Tabela 2), que utiliza o mesmo princípio do sistema norte-americano de nomenclatura da ferrugem-da-folha-da-aveia (*Puccinia coronata* f. sp. *avenae*), desenvolvido por Chong et al. (2000). Os 12 acessos diferenciadores foram dispostos em três subconjuntos de quatro diferenciadores; para cada subconjunto, existem apenas 16 combinações de tipos infecção alta e baixa, arranjados em um sistema binário. Foi utilizado um código composto de 16 letras consoantes entre B e T para identificar cada uma das 16 combinações de tipos infecção alta e baixa (virulência/avirulência) (Tabela 2). O código resultante, composto por três letras,

Tabela 2. Arranjo dos subconjuntos de quatro acessos diferenciadores de *Stylosanthes* spp. utilizados na determinação das raças de *Colletotrichum gloeosporioides*.

Código ⁽¹⁾	Acessos			
	Subconjunto 1 → cv. Mineirão ⁽²⁾	cv. Cook ⁽²⁾	cv. Endeavour ⁽²⁾	cv. Fitzroy ⁽³⁾
	Subconjunto 2 → cv. Seca ⁽³⁾	cv. Primar ⁽⁴⁾	cv. Pioneiro ⁽⁵⁾	GC 1582 ⁽⁵⁾
	Subconjunto 3 → BRA 10626 ⁽⁶⁾	BRA 28070 ⁽⁶⁾	BRA 23574 ⁽⁶⁾	BRA 17787 ⁽⁶⁾
	Tipo de infecção ⁽⁷⁾			
B	0	0	0	0
C	0	0	0	1
D	0	0	1	0
F	0	0	1	1
G	0	1	0	0
H	0	1	0	1
J	0	1	1	0
K	0	1	1	1
L	1	0	0	0
M	1	0	0	1
N	1	0	1	0
P	1	0	1	1
Q	1	1	0	0
R	1	1	0	1
S	1	1	1	0
T	1	1	1	1

⁽¹⁾Código: é a designação do subconjunto 1 seguida pela do subconjunto 2 e pela do subconjunto 3; por exemplo, a raça SBP = subconjunto 1 (S), avirulenta somente para Fitzroy; subconjunto 2 (B), avirulenta para todos os acessos; subconjunto 3 (P), avirulenta somente para BRA 028070.

⁽²⁾*Stylosanthes guianensis*. ⁽³⁾*Stylosanthes scabra*. ⁽⁴⁾*Stylosanthes seabrana*. ⁽⁵⁾*Stylosanthes macrocephala*; CG = número do acesso na Embrapa Gado de Corte. ⁽⁶⁾*Stylosanthes capitata*, em que: BRA 10626 = GC 1084; BRA 28070 = GC 1081; BRA 23574 = GC 1094; BRA 17787 = GC 1086.

⁽⁷⁾0 = tipo infecção baixa (reação de avirulência); 1 = tipo infecção alta (reação de virulência).

foi utilizado para a designação das raças do patógeno. Esse sistema permite o acréscimo de novos subconjuntos de quatro acessos diferenciadores e assim a inclusão de letras adicionais à direita das utilizadas no sistema.

Os dados dos padrões de virulência/avirulência dos isolados para cada um dos acessos diferenciadores foram transformados para uma matriz de dados binários em que 1, infecção alta/virulência e 0, tipo infecção baixa/avirulência. Esta matriz foi utilizada na estimativa da similaridade em virulência entre cada um dos pares de isolados por meio do índice de coincidência simples (ICS), conforme a equação: $ICS = C/N$, em que C é o número de acessos diferenciadores com o mesmo padrão de virulência ou avirulência e N é o número total de acessos diferenciadores avaliados.

A similaridade em virulência foi transformada em dissimilaridade segundo a equação: $D_{ij} = 1 - S_{ij}$, em que D_{ij} é a dissimilaridade em virulência entre cada par de i e j isolados; S_{ij} é a similaridade em virulência entre cada par de i e j isolados. Com base na matriz de dissimilaridade, os isolados foram agrupados pelo método de agrupamento de Tocher para obter homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre grupos. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o programa Genes (Cruz, 2001).

Resultados e Discussão

A aspersão dos 274 isolados nos 12 acessos diferenciadores de *Stylosanthes* spp. resultou em um total de 3.288 inoculações, das quais 328 (10%) revelaram reação de virulência ou infecção alta, e 2.960

(90%), reação de avirulência ou infecção baixa, o que evidenciou baixa capacidade de virulência da maioria dos isolados (Tabela 3), com predomínio de notas zero, ou imunidade, entre todas as reações aferidas. Resultado semelhante foi relatado por Chakraborty et al. (2002) que, ao avaliar 296 isolados coletados no Brasil, observaram reduzido número de reações de virulência, com a inoculação dos 296 isolados sobre 11 dos acessos diferenciadores utilizados neste trabalho, excetuando-se a cultivar Mineirão.

Entre os acessos diferenciadores utilizados, nenhum foi resistente a todos os isolados ou revelou completa susceptibilidade (Tabela 3). Entretanto, Chakraborty et al. (2002), ao avaliar 296 isolados brasileiros do fungo, não relataram a ocorrência de isolados virulentos à cultivar Primar, que neste trabalho apresentou a menor frequência de isolados virulentos (3%). O acesso diferenciador com maior frequência de isolados virulentos foi o Fitzroy (28%) e a frequência de isolados virulentos aos demais acessos foi intermediária, de 5 a 14% (Tabela 3). Resultados semelhantes foram relatados por Chakraborty et al. (2002), que reportaram a ocorrência de muitos isolados virulentos à cultivar Fitzroy.

Com base nos 12 acessos diferenciadores de *Stylosanthes* spp., foi possível classificar os 274 isolados em 62 raças distintas (Tabela 4), por meio do sistema de nomenclatura proposto (Tabela 2). A raça predominante foi a BBB que ocorreu 132 vezes. Essa raça não expressou capacidade de virulência a nenhum dos diferenciadores e foi detectada nos três estados em que foram coletados os isolados (Tabela 4). A segunda raça mais freqüente

Tabela 3. Reação de virulência dos 274 isolados de *Colletotrichum gloeosporioides* avaliados sobre 12 acessos diferenciadores de *Stylosanthes* spp.

Acesso diferenciador	Espécie	País de origem	Ano de lançamento	Nº de isolados virulentos (%)
cv. Mineirão	<i>Stylosanthes guianensis</i>	Brasil	1993	25 (9%)
cv. Cook	<i>Stylosanthes guianensis</i>	Austrália	1971	35 (13%)
cv. Endeavour	<i>Stylosanthes guianensis</i>	Austrália	1971	37 (14%)
cv. Fitzroy	<i>Stylosanthes scabra</i>	Austrália	1979	78 (28%)
cv. Seca	<i>Stylosanthes scabra</i>	Austrália	1976	38 (14%)
cv. Primar	<i>Stylosanthes seabrana</i>	Austrália	1996	7 (3%)
cv. Pioneiro	<i>Stylosanthes macrocephala</i>	Brasil	1983	16 (6%)
GC 1582	<i>Stylosanthes macrocephala</i>	Brasil	NLC ⁽¹⁾	14 (5%)
BRA 10626	<i>Stylosanthes capitata</i>	Brasil	NLC	29 (11%)
BRA 28070	<i>Stylosanthes capitata</i>	Brasil	NLC	16 (6%)
BRA 23574	<i>Stylosanthes capitata</i>	Brasil	NLC	17 (6%)
BRA 17787	<i>Stylosanthes capitata</i>	Brasil	NLC	16 (6%)
Total				328 ⁽²⁾ (10%)

⁽¹⁾Não lançado comercialmente. ⁽²⁾Número total de reações de virulência (%).

foi a CBB, que ocorreu 25 vezes e apresentou virulência a apenas um dos acessos diferenciadores, e foi detectada nos três estados em que foram coletados os isolados (Tabela 4).

Os isolados estudados foram coletados em populações selvagens de *Stylosanthes* spp., as quais não sofreram seleção artificial para resistência à antracnose, e, por isso, espera-se que os genótipos das populações apresentem individualmente poucos genes verticais de resistência ao fungo, em virtude de não terem sido submetidos a um processo de acúmulo de genes de resistência. Dessa forma, isolados portadores de muitos genes de virulência conteriam genes desnecessários e, assim, expressariam uma desvantagem competitiva em relação aos que não os apresentam (Vanderplank, 1963). Conseqüentemente, isolados com genes

desnecessários à virulência tenderiam a ocorrer em menor frequência.

A hipótese de que o processo de seleção natural levou à manutenção de raças de *C. gloeosporioides* com poucos genes de virulência nas populações brasileiras selvagens de *Stylosanthes* spp. é plausível. Portanto, raças com poucos genes de virulência dominam essas populações, em razão da não difusão de genótipos melhorados de *Stylosanthes* spp. com genes de resistência raça-específica. Não existem razões teórico-biológicas, para o surgimento de raças complexas de patógenos em populações selvagens de hospedeiros com elevada variabilidade genética. Entretanto, Chakraborty et al. (2002) e Weeds et al. (2003) relataram a ocorrência de raças mais complexas em áreas próximas a estações de pesquisa. Esta situação provavelmente foi decorrente da

Tabela 4. Relação das 62 raças de *Colletotrichum gloeosporioides* identificadas, com a indicação da sua nomenclatura (raça), do número e porcentagem de isolados pertencentes a cada raça e do número de acessos entre os 12 diferenciadores a que cada raça foi virulenta (Nº V) e avirulenta (Nº Av).

Raça ⁽¹⁾	Nº de isolados (%)	Nº V	Nº Av	Estado	Raça	Nº de isolados (%)	Nº V	Nº Av	Estado
BBB	132 (48,18)	0	12	GO; MG e BA	CLT	1 (0,36)	6	6	MG
CBB	25 (9,12)	1	11	GO; MG e BA	CLB	12 (4,38)	2	10	BA e MG
BBS	1 (0,36)	3	9	MG	DDB	1 (0,36)	2	10	MG
CCS	1 (0,36)	5	7	MG	BDB	3 (1,09)	1	11	BA e MG
CBM	1 (0,36)	3	9	MG	TBB	1 (0,36)	4	8	MG
BBL	3 (1,09)	1	11	MG	TLB	2 (0,73)	5	7	MG
HBQ	1 (0,36)	4	8	MG	MBB	1 (0,36)	2	10	MG
CBL	2 (0,73)	2	10	MG	RBB	1 (0,36)	3	9	MG
CBQ	1 (0,36)	3	9	MG	CLC	1 (0,36)	3	9	MG
FLN	1 (0,36)	5	7	MG	CMJ	1 (0,36)	5	7	MG
CBJ	2 (0,73)	3	9	MG	FST	1 (0,36)	9	3	MG
FCL	1 (0,36)	4	8	MG	CBT	1 (0,36)	5	7	MG
DBL	1 (0,36)	2	10	MG	LRB	1 (0,36)	4	8	MG
CDT	1 (0,36)	6	6	MG	BLL	1 (0,36)	2	10	MG
FBQ	1 (0,36)	4	8	MG	SDB	2 (0,73)	4	8	MG
HDD	1 (0,36)	4	8	MG	JLB	1 (0,36)	3	9	MG
FBB	4 (1,46)	2	10	MG e GO	TSQ	1 (0,36)	9	3	MG
DBB	8 (2,92)	1	11	GO; MG e BA	QBB	2 (0,73)	2	10	MG
BCB	1 (0,36)	1	11	GO	CBD	1 (0,36)	2	10	MG
CCB	2 (0,73)	2	10	GO	GDB	1 (0,36)	2	10	MG
JBB	4 (1,46)	2	10	MG e GO	SQL	1 (0,36)	6	6	MG
GBB	7 (2,55)	1	11	BA e MG	BLB	5 (1,82)	1	11	MG
SBM	2 (0,73)	5	7	MG	BBG	1 (0,36)	1	11	MG
SBB	2 (0,73)	3	9	MG	CLG	1 (0,36)	3	9	MG
JCF	1 (0,36)	5	7	MG	CLN	1 (0,36)	4	8	MG
QFP	1 (0,36)	7	5	MG	CGB	2 (0,73)	2	10	BA e MG
GFC	1 (0,36)	4	8	MG	FLB	1 (0,36)	3	9	BA
GFK	1 (0,36)	6	6	MG	CQB	1 (0,36)	3	9	BA
SBF	1 (0,36)	5	7	MG	BFB	2 (0,73)	2	10	BA
LBB	7 (2,55)	1	11	BA e MG	BBC	1 (0,36)	1	11	BA
CLL	4 (1,46)	3	9	MG	GCB	1 (0,36)	2	10	BA

⁽¹⁾Nomenclatura segundo o sistema proposto neste trabalho (Tabela 2).

elevada variabilidade genética do germoplasma avaliado nesses locais ao longo dos anos (Weeds et al., 2003; Chakraborty et al., 2004a).

As raças que evidenciaram virulência ao maior número de acessos diferenciadores foram FST, TSQ e QFP, com virulência a 9, 9 e 7 acessos, respectivamente (Tabela 4). Cada uma dessas raças foi detectada apenas uma vez, o que corrobora a hipótese de que elas apresentam desvantagem competitiva em relação às raças menos complexas. Quanto à baixa frequência de raças mais complexas, com muitos genes de virulência, o mesmo resultado foi descrito por Chakraborty et al. (2002). De acordo com esses autores raças mais complexas tenderam a não se agrupar com as demais, o que também foi observado neste trabalho (Tabela 5).

A análise de agrupamento de Tocher, em função da dissimilaridade em virulência estimada por meio do padrão de virulência/avirulência das raças aos 12 acessos diferenciadores de *Stylosanthes* spp., dividiu as 62 raças de *C. gloeosporioides* identificadas neste trabalho em 13 grupos distintos (Tabela 5). O maior grupo foi o G1, que reuniu 24 raças e 226 isolados dos estados de Minas Gerais, Bahia e Goiás, o que evidencia não existir padrão definido de distribuição da variabilidade em virulência entre os três estados de coleta de isolados (Tabelas 4 e 5), e demonstra que os isolados não apresentaram tendência de agrupamento de acordo com o local em

que foram coletados, como relatado por Chakraborty et al. (2002). Os demais grupos reuniram de oito raças (G2 e G3) a uma raça (G10, G11, G12 e G13).

Populações de fungos que ocorrem naturalmente em populações selvagens de *Stylosanthes* no Brasil, apesar de expressar elevada variabilidade genética (Kelemu et al., 1999; Weeds et al., 2003) e de apresentar variabilidade em virulência superior à das populações da Austrália, Índia e China (Chakraborty et al., 1996, 2004b), não são, na maioria, constituídas por raças portadoras de muitos genes de virulência individualmente. Porém, as raças são portadoras de grande plasticidade genética, em especial, em razão de o fungo apresentar reprodução sexuada nas condições de campo no Brasil (recombinação genética). Assim, é possível inferir que a estratégia de melhoramento para resistência ao fungo, que deve a ser priorizada no Brasil, é a que privilegia a resistência parcial, que normalmente é quantitativa, não é raça específica e se caracteriza por um progresso lento da doença no campo. Deste modo, possivelmente seria evitada a seleção de raças complexas, como acontece, por exemplo, no Brasil, em espécies como aveia (Vieira et al., 2006) e trigo (Chaves & Barcellos, 2002) em relação à ferrugem-da-folha, cujo melhoramento visando à resistência do tipo raça específica ocasionou a seleção de raças do fungo muito complexas, por causa da grande pressão de seleção exercida sobre as populações do patógeno.

Tabela 5. Agrupamento das 62 raças de *Colletotrichum gloeosporioides* identificadas por meio do método de agrupamento de Tocher, de acordo com a distância genética estimada pelo complemento do índice de coincidência simples, obtido com base no padrão de virulência/avirulência das raças a 12 acessos diferenciadores de *Stylosanthes* spp., e indicação do número de raças e de isolados de cada grupo de similaridade.

Grupo	Raças ⁽¹⁾	Nº de raças	Nº de isolados
G1	BBB, CBB, BBL, CBL, CBM, CBQ, CLL, CLB, BLL, BLB, DBL, FBB, DBB, FLB, CCB, MBB, CBD, CGB, BCB, LBB, BBG, BBC, GBB e BDB	24	226
G2	FLN, CLN, CLT, CBT, BBS, CCS, CBJ e CDT	8	9
G3	JBB, SBB, TBB, SDB, QBB, RBB, TLB e JLB	8	15
G4	HBQ, FBQ e FCL	3	3
G5	HDD, GDB, GFC, BFB e GCB	5	6
G6	SBM, SBF e JCF	3	4
G7	CLC, CLG e CQB	3	3
G8	QFP e GFK	2	2
G9	TSQ e SQL	2	2
G10	FST	1	1
G11	LRB	1	1
G12	DDB	1	1
G13	CMJ	1	1

⁽¹⁾Nomenclatura da raça segundo o sistema proposto neste trabalho (Tabela 2).

Conclusões

1. A maioria dos isolados brasileiros de *Colletotrichum gloeosporioides* de populações selvagens de *Stylosanthes* spp. apresenta baixa capacidade de virulência.

2. A raça predominante de *Colletotrichum gloeosporioides*, em populações selvagens de *Stylosanthes* spp. nos estados de Minas Gerais, Bahia e Goiás, não apresenta virulência a nenhum dos 12 acessos diferenciadores avaliados.

3. Não existe padrão definido de distribuição da variabilidade em virulência entre os isolados de *Colletotrichum gloeosporioides* das populações selvagens de *Stylosanthes* spp. dos estados de Minas Gerais, Bahia e Goiás.

Referências

- ANDRADE, R.P.; KARIA, C.T.; RAMOS, A.K.B. *Stylosanthes* as a forage legume at its centre of diversity. In: CHAKRABORTY, S. (Ed.). **High-yielding anthracnose-resistant *Stylosanthes* for agricultural systems**. Canberra: Aciar, 2004. p.39-50.
- CAMERON, D.F.; TREVORROW, R.M.; LIU, C.J. Recent advances in studies of anthracnose of *Stylosanthes*. II. Approaches to breeding for anthracnose resistance in *Stylosanthes* in Australia. **Tropical Grasslands**, v.31, p.424-429, 1997.
- CHAKRABORTY, S. Anthracnose disease of *Stylosanthes*. In: CHAKRABORTY, S. (Ed.). **High-yielding anthracnose-resistant *Stylosanthes* for agricultural systems**. Canberra: Aciar, 2004. p.113-124.
- CHAKRABORTY, S.; FERNANDES, C.D.; CHARCHAR, M.J.; THOMAS, M.R. Pathogenic variation in *Colletotrichum gloeosporioides* infecting *Stylosanthes* spp. in a center of diversity in Brazil. **Plant Disease**, v.92, p.553-562, 2002.
- CHAKRABORTY, S.; FERNANDES, C.D.; CHARCHAR, M.J.; WEEDS, P.L.; KELEMU, S. *Colletotrichum gloeosporioides* diversity at centres of origin in Brazil and Colombia. In: CHAKRABORTY, S. (Ed.). **High-yielding anthracnose-resistant *Stylosanthes* for agricultural systems**. Canberra: Aciar, 2004a. p.165-172.
- CHAKRABORTY, S.; RAMESH, C.R.; KEXIAN, Y. *Colletotrichum gloeosporioides* diversity at centres of utilization in Australia, China and India. In: CHAKRABORTY, S. (Ed.). **High-yielding anthracnose-resistant *Stylosanthes* for agricultural systems**. Canberra: Aciar, 2004b. p.173-178.
- CHAKRABORTY, S.; RATCLIFF, D.; MACKAY, F.J. Anthracnose of *Stylosanthes scabra*: effect of leaf surface wetness on disease severity. **Plant Disease**, v.74, p.379-384, 1990.
- CHAKRABORTY, S.; THOMAS, M.R.; ELLIS, N. A multivariate analysis of pathogenic variation in *Colletotrichum gloeosporioides* infecting tropical pasture legume, *Stylosanthes scabra*. **Phytopathology**, v.86, p.283-289, 1996.
- CHARCHAR, M.J.; ANJOS, J.R.N.; GOMES, A.C.; CHAKRABORTY, S.; FERNANDES, C.D.; AKIMOTO, A.K.; TOMAZ, L.V. **Variabilidade patogênica de *Colletotrichum gloeosporioides* oriundos de populações nativas de *Stylosanthes* spp. de três estados brasileiros**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003. 18p.
- CHAVES, M.S.; BARCELLOS, A.L. Especificação fisiológica de *Puccinia triticina* no Brasil em 2002. **Fitopatologia Brasileira**, v.31, p.57-62, 2002.
- CHONG, J.; LEONARD, K.J.; SALMERON, J.J. A north american system of nomenclature for *Puccinia coronata* f. sp. *avenae*. **Plant Disease**, v.84, p.580-585, 2000.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648p.
- DAVIS, R.D. Seedborne *Colletotrichum gloeosporioides* infection and fungicidal control in *Stylosanthes* spp. **Seed Science and Technology**, v.15, p.785-791, 1987.
- DAVIS, R.D.; IRWIN, J.A.G.; CAMERON, D.F. Variation in virulence and pathogenic specialization of *Colletotrichum gloeosporioides* isolates from *Stylosanthes scabra* cvs. Fitzroy and Seca. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.35, p.653-662, 1984.
- GARDNER, C.J. The dynamics of *Stylosanthes* pasture. In: STACE, H.M.; EDYE, L.A. (Ed.). **The biology and agronomy of *Stylosanthes***. Centercourt: Academic Press, 1984. p.333-357.
- GOUDAO, L.; PHAIKAEW, C.; STUR, W.W. Status of *Stylosanthes* development in other countries. II. *Stylosanthes* development and utilization in China and south-east Asia. **Tropical Grasslands**, v.31, p.460-467, 1997.
- KELEMU, S.; BADEL, J.L.; MORENO, C.X. Virulence spectrum of South American isolates of *Colletotrichum gloeosporioides* on selected *Stylosanthes guianensis* genotypes. **Plant Disease**, v.80, p.1355-1358, 1996.
- KELEMU, S.; SKINNER, D.Z.; BADEL, J.L.; MORENO, C.X.; RODRIGUES, M.X.; FERNANDES, C.D.; CHARCHAR, M.J.; CHAKRABORTY, S. Genetic diversity in South American *Colletotrichum gloeosporioides* isolates from *Stylosanthes guianensis*, a tropical forage legume. **European Journal of Plant Pathology**, v.105, p.261-272, 1999.
- MILES, J.W.; LASCANO, C.E. Status of *Stylosanthes* development in other countries. I. *Stylosanthes* development and utilization in South America. **Tropical Grasslands**, v.31, p.454-459, 1997.
- TRUTMANN, P. Diseases of tropical pasture plants in Central and South America. In: LENNÉ, J.M.; TRUTMANN, P. (Ed.). **Diseases of tropical pasture plants**. Wallingford: CAB International, 1994. p.21-42.
- VANDERPLANK, J.E. **Plant diseases: epidemics and control**. New York: Academic Press, 1963. 349p.
- VIEIRA, E.A.; CARVALHO, F.I.F.; CHAVES, M.S.; OLIVEIRA, A.C.; BERTAN, I.; MARTINS, A.F.; HARTWIG, I.; BENIN, G.; VALÉRIO, I.V.; FONSECA, D.A.R. Padrão de resistência de genótipos de aveia à ferrugem da folha na definição de hibridações. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.607-614, 2006.
- WEEDS, P.L.; CHAKRABORTY, S.; FERNANDES, C.D.; CHARCHAR, M.J.D.; RAMESH, C.R.; KEXIAN, Y.; KELEMU, S. Genetic diversity in *Colletotrichum gloeosporioides* from *Stylosanthes* spp. at centers of origin and utilization. **Phytopathology**, v.93, p.176-185, 2003.
- WILLIAMS, R.J.; RAID, R.; SCHULTZE-KRAFT, R.; SOUZA COSTA, N.M.; THOMAS, B.D. Natural distribution of *Stylosanthes*. In: STACE, H.M.; EDYE, L.A. (Ed.). **The biology and agronomy of *Stylosanthes***. Sydney: Academic Press, 1984. p.73-101.