



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE
DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA
CURSO DE LICENCIATURA E BACHARELADO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS**

WALESKA DE SOUSA BRAGA

**FREQUÊNCIA E DISTRIBUIÇÃO DE RAÇAS DE
Xanthomonas axonopodis pv. *malvacearum*, AGENTE CAUSAL
DA MANCHA-ANGULAR DO ALGODOEIRO, NO BRASIL**

CAMPINA GRANDE – PB
2012

WALESKA DE SOUSA BRAGA

**FREQUÊNCIA E DISTRIBUIÇÃO DE RAÇAS DE
Xanthomonas axonopodis pv. *malvacearum*, AGENTE CAUSAL
DA MANCHA-ANGULAR DO ALGODOEIRO, NO BRASIL**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Ciências Biológicas da Universidade Estadual da Paraíba, em cumprimento à exigência para obtenção do grau de Bacharela e Licenciada em Ciências Biológicas.

Orientador: Wirton Macedo Coutinho
Coorientador: Alberto Soares de Melo

CAMPINA GRANDE – PB
2012

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL – UEPB

B813f

Braga, Waleska de Sousa.

Frequência e distribuição de raças de *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*, agente causal da mancha-angular do algodoeiro, no Brasil [manuscrito] / Waleska de Sousa Braga. – 2012.

20 f. : il. color.

Digitado.

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Ciências Biológicas) – Universidade Estadual da Paraíba, Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, 2012.

“Orientação: Prof. M.Sc. Wirton Macedo Coutinho, Embrapa Algodão”

Pragas de plantas. 2. Algodoeiro. 3. *Gossypium hirsutum*.
I. Título.

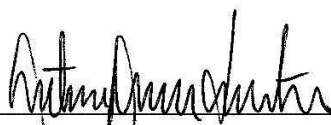
CDD 21. ed. 633.51

WALESKA DE SOUSA BRAGA

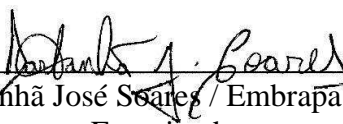
**FREQUÊNCIA E DISTRIBUIÇÃO DE RAÇAS DE
Xanthomonas axonopodis pv. *malvacearum*, AGENTE CAUSAL
DA MANCHA-ANGULAR DO ALGODOEIRO, NO BRASIL**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao
Curso de Graduação em Ciências Biológicas da
Universidade Estadual da Paraíba, em cumprimento
à exigência para obtenção do grau de Bacharela e
Licenciada em Ciências Biológicas.

Aprovado em 29/10/2012.



Msc. Wirton Macedo Coutinho / Embrapa Algodão
Orientador



Dr. Dartanã José Soares / Embrapa Algodão
Examinador



Profª Dra. Valeria Veras Ribeiro / UEPB
Examinadora

FREQUÊNCIA E DISTRIBUIÇÃO DE RAÇAS DE *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*, AGENTE CAUSAL DA MANCHA-ANGULAR DO ALGODOEIRO, NO BRASIL

BRAGA¹, Waleska de Sousa; COUTINHO², Wirton Macedo

RESUMO

A mancha-angular, causada pela bactéria *X. axonopodis* pv. *malvacearum* (*Xam*), é uma das mais significativas e destrutivas doenças do algodoeiro (*Gossypium* spp.). Essa bactéria varia em virulência dependendo da cultivar em uso. No mundo, já foram identificadas 20 raças fisiológicas deste patógeno, das quais pelo menos cinco (3, 8, 10, 18 e 19) já foram relatadas no Brasil. Este trabalho teve como objetivo determinar a frequência e distribuição das raças de *Xam* no Brasil. Na safra 2008-2009, folhas com sintomas típicos de mancha-angular foram coletadas em 12 áreas produtoras de algodão nos estados da Bahia, Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. Para confirmação da identidade, culturas bacterianas isoladas indiretamente a partir dessas folhas foram submetidas a testes bioquímicos e inoculadas em plantas de algodoeiro cv. Acala 44 (suscetível a todas as raças de *Xam*). Para determinação da raça, os isolados de *Xam* foram inoculados pelo método da seringa, injetando, por pressão, a suspensão bacteriana nos tecidos das plantas da série diferenciadora, composta pelos genótipos Acala 44, Stoneville 2B-S9, Stoneville 20, Mebane B1, 1-10B, 101-102B, Gregg, Empire B4, PDxP4 e S-295. A identificação da raça foi realizada de acordo com o sistema proposto por Hunter *et al.* (1968) e aprimorado por Bird (1981). Todos os isolados de *Xam* avaliados foram caracterizados como pertencentes à raça 18. As raças 3, 8, 10 e 19, previamente encontradas no Brasil, não foram detectadas neste trabalho.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*. Bactéria. Série diferenciadora.

¹ Graduanda em Licenciatura e Bacharelado em Ciências Biológicas pela Universidade Estadual da Paraíba – UEPB. E-mail: waleska.braga@hotmail.com

² Engenheiro-agrônomo, Mestre em Agronomia/Fitopatologia. Pesquisador B da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa). E-mail: wirton.coutinho@embrapa.br

1 INTRODUÇÃO

O algodão é uma das culturas mais importantes do mundo, sendo cultivado economicamente em mais de 60 países, com área anual superior a 30 milhões de hectares e produção de 25 milhões de toneladas de pluma, o que representa mais de 50% de toda matéria-prima utilizada pela indústria têxtil no mundo (FAO, 2012).

O Brasil ocupa a sexta posição no *ranking* mundial de países produtores de algodão, atrás apenas da China, Índia, Estados Unidos, Paquistão e Uzbequistão (FAO, 2012). Na safra de 2010-2011, a área plantada foi de 1.401.314 hectares, gerando uma produção de cerca 5,05 milhões de toneladas de algodão em caroço, aproximadamente 2,02 milhões de toneladas de pluma (IBGE, 2012).

A produção de algodão pode ser afetada por uma série de fatores que podem acarretar em perdas no rendimento da cultura, como o ataque de patógenos. Dentre as doenças que afetam o algodoeiro, a mancha-angular é uma das mais importantes. É causada pela bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* (Smith 1901) Vauterin *et al.*, 1985 (*Xam*), que afeta o algodoeiro em todas as fases de seu desenvolvimento. Essa doença é particularmente destrutiva, principalmente quando se trata de variedades suscetíveis cultivadas em condições com alta umidade relativa do ar, alta precipitação pluviométrica e ocorrência de ventos (HILLOCKS, 1992).

Os sintomas característicos da mancha-angular em plantas de algodoeiro são lesões angulares delimitadas pelas nervuras secundárias e terciárias nas folhas mais novas, inicialmente de aspecto encharcado, tornando-se pardas posteriormente. Em casos mais severos, ocorrem coalescência das lesões e rasgadura do limbo foliar. Quando a bactéria alcança o floema de nervuras primárias e secundárias de folhas mais novas, surgem lesões ao longo nas nervuras. Em condições favoráveis à infecção, a doença pode se estender ao tecido vascular, afetando pecíolos e caule, dando um aspecto enegrecido à lesão, o que resultou no termo *blackarm*, pelo qual a doença é muitas vezes conhecida (HILLOCKS, 1992). Em casos de alta severidade, é comum, além dos sintomas já descritos, ocorrer a infecção de maçãs (SUASSUNA *et al.*, 2008).

Xanthomonas axonopodis pv. *malvacearum* pode ser transportada interna e externamente nas sementes, sendo essa a principal fonte de disseminação em longas distancias. A curtas distâncias, a disseminação desse patógeno ocorre principalmente por meio do vento, água, insetos e implementos agrícolas. O patógeno entra no hospedeiro através da abertura dos estômatos ou ferimentos. A doença é potencialmente destrutiva quando ventos associados com respingos de água de chuva ou de irrigação favorecem a disseminação do patógeno

(HILLOCKS, 1992; THAXTON; EL-ZIK, 2001).

O agente causal da mancha-angular do algodoeiro varia em virulência, dependendo da cultivar em uso. A primeira constatação da variação na população do patógeno foi verificada nos EUA, na década de 1950, com a suplantação da resistência da cultivar Stoneville 20 por novos isolados de *Xam*; na década seguinte, confirmou-se a especificidade ao nível de raças, as quais foram identificadas por meio de um conjunto de genótipos diferenciadores da espécie *Gossypium hirsutum* (HUNTER *et al.*, 1968).

No mundo, já foram identificadas 20 raças fisiológicas desse patógeno, das quais pelo menos cinco (3, 8, 10, 18 e 19) foram encontradas no Brasil (CIA, 1972; RUANO; MOHAN, 1982). As raças identificadas até o início da década de 1980 não eram capazes de suplantarem a resistência do genótipo 101-102B (portador do complexo gênico B₂B₃B_{sm}), que foi utilizado como fonte de genes de resistência a essa doença por diversos programas de melhoramento de algodoeiro no mundo, inclusive no Brasil (LIMA; VIEIRA, 1999), até que uma nova raça identificada na África, designada raça 20, foi virulenta ao complexo gênico B₂B₃ (FOLLIN, 1983).

Não é possível controlar a mancha-angular do algodoeiro de forma curativa, portanto, o uso de cultivares resistentes é uma das poucas alternativas de controle da doença. A natureza herdável da resistência da mancha-angular em algodoeiro foi demonstrada no final da década de 1930 por Knight e Clouston (1939), e, a partir de então, iniciaram-se os trabalhos de melhoramento visando à obtenção de cultivares resistentes, por meio da transferência dos genes de resistência (genes “R”) originalmente oriundos de outras espécies de *Gossypium*. Por causa da variabilidade do patógeno, é necessário que se tenha combinações de dois ou mais genes de efeito principal, associados com poligenes para um alto nível de resistência (BIRD, 1977).

Inicialmente, foram identificados 10 genes “R” (B₁, B₂, B₃, B₄, B₅, B₆, B₇, B₈, B₉ e B₁₀). Destes, apenas B₈, oriundo de *G. anomalum*, e B₆ são recessivos, os demais possuem efeito dominante ou parcialmente dominante (EL-ZIK; BIRD, 1970; SAUNDERS; INNES, 1963). Posteriormente, outros seis genes “R” foram identificados: B₁₁, B_{9L}, B_{10L}, B_{1n}, B_N e B_s (HILLOCKS, 1992; INNES, 1992). Dois complexos de poligenes foram também identificados em cultivares comerciais de algodoeiro. O primeiro, encontrado nas cultivares Stoneville 2B e Empire, foi denominado de B_{sm}, e o segundo, identificado na cultivar Deltapine, chamado de B_{Dm}. Outro gene de efeito principal, B₁₂, que confere resistência à raça 20 do patógeno, foi identificado na cultivar S-295 (WALLACE; EL-ZIK, 1990).

Apesar do sucesso nos vários programas de melhoramento de algodoeiro, visando à resistência à mancha-angular no mundo, novas raças do agente causal da doença podem surgir

ou serem introduzidas em novas áreas, sendo, portanto, de extrema importância o levantamento da frequência e distribuição do espectro de virulência do patógeno para que medidas de controle da doença sejam efetivadas com a incorporação de novos genes de resistência nas novas cultivares desenvolvidas. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi determinar a frequência e distribuição das raças *X. axonopodis* pv. *malvacearum* no Brasil.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Amostragem e coleta de folhas de algodoeiro com sintomas de mancha-angular

Na safra 2008-2009, foram amostradas 12 áreas produtoras de algodão nos estados da Bahia, Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. Em cada local foram coletadas folhas com sintomas típicos de mancha-angular em quatro pontos adjacentes (quatro diferentes locais da área, sendo uma folha por planta amostrada). Essas folhas foram identificadas (coordenadas geográficas e cultivar) e enviadas ao Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Algodão para posterior isolamento. Cada uma das folhas coletadas com os sintomas típicos de mancha-angular originou até quatro isolados independentes de *X. axonopodis* pv. *malvacearum* (*Xam*). Esse tipo de procedimento foi realizado em razão de haver relatos na literatura afirmando ser possível encontrar mais de uma raça de *Xam* em uma mesma folha sintomática ou mesmo em uma mesma lesão da mancha-angular (CHOWDHURY *et al.*, 1979).

2.2 Isolamento, cultivo *in vitro*, identificação e preservação de *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*

Procedeu-se o isolamento indireto de *Xam* a partir de fragmentos de tecidos de folhas de algodoeiro com sintomas típicos da mancha-angular em meio 523 (KADO; HESKETT, 1970), contendo, por litro, 10 g de sacarose, 8 g de caseína hidrolisada, 4 g de extrato de levedura, 2 g de K₂HPO₄, 0,3 g de MgSO₄. 7H₂O e 20 g de Agar. Os isolados obtidos foram submetidos a teste de crescimento de cultura a 40 °C (+) e a testes bioquímicos para confirmação da espécie (MARIANO; SILVEIRA, 2005), a saber: coloração de gram (-), oxidase (-), catalase (+) e amilase (+). Além desses testes, todos os isolados foram inoculados em plantas de algodoeiro cv. Acala 44, suscetível a todas as raças de *Xam*. Aqueles que corresponderam a *X. axonopodis* pv. *malvacearum* foram preservados por liofilização.

2.3 Caracterização do espectro de virulência dos isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*

2.3.1 Preparo da suspensão bacteriana

Os isolados de *Xam* liofilizados foram cultivados em meio 523 (KADO; HESKETT, 1970); após aproximadamente 48 horas de crescimento, foi preparada a suspensão de inóculo, adicionando-se solução salina (NaCl a 8,5%), previamente esterilizada, em placas de Petri contendo colônias dos diferentes isolados de *Xam*. A concentração desejada foi obtida com auxílio de espectrofotômetro ajustado para densidade ótica de 0,3 em absorbância de 600 nm, o que correspondeu a aproximadamente 10^8 UFC (Unidades Formadoras de Colônias).mL⁻¹.

2.3.2 Inoculação e incubação

Para a inoculação de cada isolado testado, foi utilizado um conjunto de plantas de algodoeiro que compõe a série diferenciadora de raças de *Xam*, proposto por Hunter *et al.* (1968) e aprimorado por Bird (1981), a saber: cultivares Acala 44 (suscetível a todas as raças), Stoneville 2B-S9 (contendo o poligene B_{sm}), Stoneville 20 (contendo o gene B₇), Mebane B1 (contendo o gene B₂), 1-10B (contendo o gene B_{1N}), 101-102B (contendo o complexo gênico B₂B₃B_{sm}), S-295 (contendo o gene B₁₂), Gregg 8, Empire B4 (contendo o gene B₃) e DPxP4. As plantas foram cultivadas em vasos plásticos, contendo uma mistura de turfa e vermiculita na proporção de 3:1 (v/v) e inoculadas quando os genótipos testados encontravam-se no estágio V₆ – V₈, ou seja, entre seis e oito folhas verdadeiras expandidas (MARUR; RUANO, 2001).

Na inoculação utilizou-se uma seringa hipodérmica sem agulha para injetar, por pressão, aproximadamente 0,5 mL da suspensão bacteriana em três diferentes pontos na superfície abaxial de duas folhas de cada genótipo, a partir do segundo par de folhas verdadeiras. Após a inoculação, os vasos contendo as plantas foram mantidos em casa-de-vegetação com temperatura de 28 °C ± 2 °C e umidade relativa do ar acima de 80% durante 5 dias, período necessário ao aparecimento dos sintomas da doença.

2.3.3 Avaliações

As avaliações foram realizadas anotando-se apenas a presença de sintomas de mancha-angular ou reação de hipersensibilidade, restrita aos sítios de inoculação do patógeno, ou seja,

apenas nos três diferentes pontos da superfície abaxial das folhas inoculadas dos genótipos avaliados. Sintomas de hipersensibilidade, que é característica típica de resistência da planta ao patógeno, foram observados e anotados entre 24 e 48 horas após a inoculação dos diferentes isolados nos genótipos resistentes da série diferenciadora, enquanto lesões do tipo anasarca, que são sintomas típicos da doença, foram observadas e anotadas nos genótipos suscetíveis 5 dias após a inoculação.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas 48 amostras de folhas com sintomas de mancha-angular coletadas nos 4 pontos adjacentes das 12 diferentes áreas produtoras de algodão nos estados da Bahia, Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, foram obtidos 115 isolados de *Xam*, dos quais 23 foram perdidos durante a realização deste trabalho. Todos os 92 isolados restantes induziram sintomas na série diferenciadora compatíveis com a raça 18 (Tabela 1). Foi observada reação de hipersensibilidade, que é característica típica de reação de resistência ao patógeno, nos genótipos 101-102B e S-295, entre 24 e 48 horas após a inoculação, e reação de suscetibilidade nos genótipos Acala 44, Stoneville 2BS9, Stoneville 20, Mebane B1, 1-10B, Gregg, Empire B4 e DPxP4, com lesões do tipo anasarca, aos 5 dias após a inoculação (Figura 1).

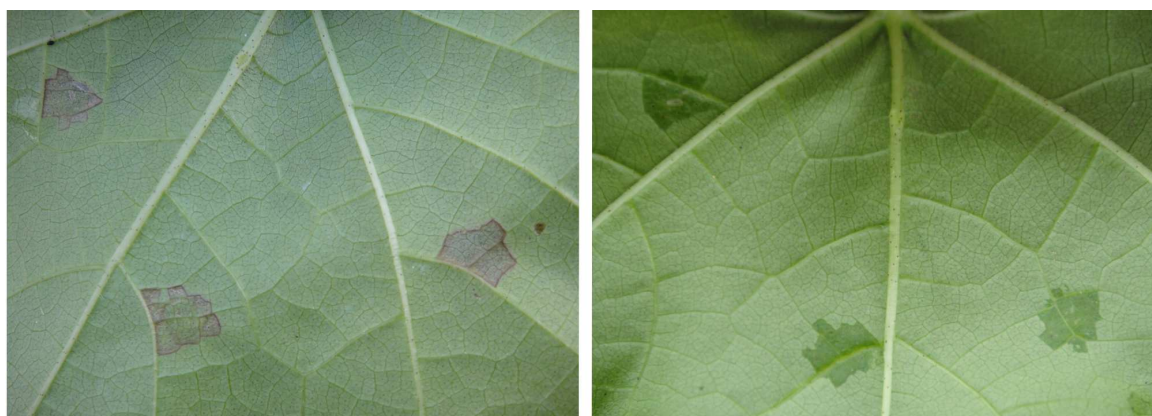


Figura 1 - Reação de hipersensibilidade, observada entre 24 e 48 horas após a inoculação (esquerda), e lesões do tipo anasarca, observadas aos 5 dias após a inoculação (direita), em plantas de algodoeiros inoculadas com uma suspensão bacteriana de *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*, raça 18, utilizando-se uma seringa hipodérmica sem agulha.

Tabela 1 - Caracterização e distribuição de raças de isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* oriundos de 12 áreas produtoras de algodão dos estados da Bahia, Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul.

Isolado	Localização	Genótipo	Coordenadas	Série diferenciadora e reação aos isolados										Raça
				A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	
CCMF-CNPA 0297	Santa Helena de Goiás - GO	Populações segregantes	17°50,255' S 50°35,450' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0298	Santa Helena de Goiás - GO	Populações segregantes	17°50,495' S 50°35,028' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0299	Santa Helena de Goiás - GO	Populações segregantes	17°50,495' S 50°35,028' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0300	Santa Helena de Goiás - GO	Populações segregantes	17°50,180' S 51°35,159' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0301	Santa Helena de Goiás - GO	Populações segregantes	17°50,180' S 51°35,159' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0302	Santa Helena de Goiás - GO	Populações segregantes	17°50,495' S 50°35,028' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0303	Santa Helena de Goiás - GO	Populações segregantes	17°50,495' S 50°35,028' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0304	Chapadão do Céu - GO	DP 90-Bt	18°27,637' S 52°30,590' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0305	Chapadão do Céu - GO	DP 90-Bt	18°27,637' S 52°30,590' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0306	Chapadão do Céu - GO	DP 90-Bt	18°27,637' S 52°30,590' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0307	Chapadão do Céu - GO	DP 90-Bt	18°27,641' S 52°30,583' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0308	Chapadão do Céu - GO	DP 90-Bt	18°27,639' S 52°30,595' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0309	Chapadão do Céu - GO	DP 90-Bt	18°27,639' S 52°30,595' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0310	Chapadão do Céu - GO	DP 90-Bt	18°27,639' S 52°30,559' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0311	Montividiu - GO	DP 90-Bt	17°22,059' S 51°28,847' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0312	Silvânia - GO	DP 90-Bt	16°28,692' S 48°23,467' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0313	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,708' S 52°38,791' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0314	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,708' S 52°38,791' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0315	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,708' S 52°38,791' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0316	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,716' S 52°38,802' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0317	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,716' S 52°38,802' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0318	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,716' S 52°38,802' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0319	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,712' S 52°38,812' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0320	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,712' S 52°38,812' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0321	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,712' S 52°38,812' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0322	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,684' S 52°38,788' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0323	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,684' S 52°38,788' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0324	Chapadão do Sul - MS	BRS Cedro	18°46,684' S 52°38,788' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0325	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,248' S 50°12,214' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18
CCMF-CNPA 0326	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,248' S 50°12,214' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18

Continuação...

Isolado	Localização	Genótipo	Coordenadas	Série diferenciadora e reação aos isolados											Raça
				A	B	C	D	E	F	G	H	I	J		
CCMF-CNPA 0327	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,248' S 50°12,214' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0328	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,212' S 50°12,203' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0329	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,212' S 50°12,203' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0330	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,212' S 50°12,203' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0331	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,306' S 50°12,206' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0332	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,306' S 50°12,206' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0333	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,306' S 50°12,206' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0334	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,306' S 50°12,206' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0335	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,321' S 50°12,212' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0336	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,321' S 50°12,212' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0337	Acreúna - GO	BRS Cedro	17°29,321' S 50°12,212' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0338	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°34,251' S 52°32,125' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0339	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°34,251' S 52°32,125' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0340	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°34,251' S 52°32,125' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0341	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°34,251' S 52°32,125' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0346	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,220' S 52°12,166' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0347	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,220' S 52°12,166' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0348	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,220' S 52°12,166' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0349	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,220' S 52°12,166' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0350	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,227' S 52°12,161' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0351	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,227' S 52°12,161' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0352	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,227' S 52°12,161' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0353	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,112' S 52°12,224' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0354	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,112' S 52°12,224' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0355	Acreúna - GO	DP Acala 90	17°33,112' S 52°12,224' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0356	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,717' S 49°56,219' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0357	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,717' S 49°56,219' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0358	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,717' S 49°56,219' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0359	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,756' S 49°56,285' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0360	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,756' S 49°56,285' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0361	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,756' S 49°56,285' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	

Continuação...

Isolado	Localização	Genótipo	Coordenadas	Série diferenciadora e reação aos isolados											Raça
				A	B	C	D	E	F	G	H	I	J		
CCMF-CNPA 0362	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,845' S 49°56,314' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0363	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,845' S 49°56,314' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0364	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,845' S 49°56,314' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0365	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,631' S 49°56,327' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0366	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,631' S 49°56,327' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0367	Palmeiras de Goiás - GO	ELA-GO-8022	16°45,631' S 49°56,327' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0368	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,209' S 47°37,303' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0369	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,209' S 47°37,303' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0370	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,209' S 47°37,303' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0371	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,258' S 47°37,212' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0372	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,258' S 47°37,212' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0373	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,258' S 47°37,212' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0374	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,364' S 47°37,321' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0375	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,364' S 47°37,321' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0376	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,364' S 47°37,321' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0377	Cristalina - GO	ELA-GO-8022	16°14,364' S 47°37,321' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0378	São Desidério - BA	ELA-BA-241	12°49,803' S 45°57,231' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0379	São Desidério - BA	ELA-BA-241	12°49,803' S 45°57,231' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0380	São Desidério - BA	ELA-BA-241	12°49,803' S 45°57,231' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0381	São Desidério - BA	ELA-BA-241	12°49,756' S 45°57,198' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0382	São Desidério - BA	ELA-BA-241	12°49,756' S 45°57,198' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0383	São Desidério - BA	ELA-BA-241	12°49,756' S 45°57,198' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0384	São Desidério - BA	ELA-BA-241	12°49,756' S 45°57,198' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0393	Rondonópolis - MT	DP Acala 90	16°45,191' S 54°48,817' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0394	Rondonópolis - MT	DP Acala 90	16°45,191' S 54°48,817' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0395	Rondonópolis - MT	DP Acala 90	16°45,191' S 54°48,817' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0396	Rondonópolis - MT	DP Acala 90	16°45,204' S 54°49,047' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0397	Rondonópolis - MT	DP Acala 90	16°45,204' S 54°49,047' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0398	Rondonópolis - MT	DP Acala 90	16°45,219' S 54°49,062' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0399	Rondonópolis - MT	DP Acala 90	16°45,219' S 54°49,062' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	
CCMF-CNPA 0400	Rondonópolis - MT	DP Acala 90	16°45,219' S 54°49,062' W	+	+	+	+	+	-	+	+	+	-	18	

A: Acala 44; B: Stoneville 2BS9; C: Stoneville 20; D: Mebane-B1; E: 1-10B; F: 101-102B; G: Gregg; H: Empire B4; I: DPxP4; J: S-295; (+) suscetibilidade; (-) resistência. ELA – GO: Ensaio de Linhagens Avançadas Goiás; ELA – BA: Ensaio de Linhagens Avançadas Bahia.

Embora a raça 18 de *Xam* seja uma das mais agressivas e frequentes no mundo (AKELLO; HILLOCKS, 2002; ALIPPI; HAYWARD, 1987; ALLEN; WEST, 1991; HUSSAIN; BRINKERHOFF, 1978; MADANI *et al.*, 2010; RUANO; MOHAN, 1982; RUNGIS *et al.*, 2002), outras raças menos virulentas são também identificadas com certa frequência em vários países produtores de algodão em áreas onde também ocorre a raça 18. As raças 1, 2 e 6 coexistem com a raça 18 no Irã (MADANI *et al.*, 2010), enquanto a raça 1 ocorre em áreas onde a raça 18 é mais frequente na Austrália (ALIPPI; HAYWARD, 1987; ALLEN; WEST, 1991). Na Índia, as raças 7 e 18 foram relatadas em uma mesma área de produção de algodão (GHOLVE *et al.*, 2005), enquanto no Paquistão, as raças 8, 10 e 12 (HUSSAIN, 1984) e, em Uganda, as raças 6, 7, 10 e 16 (AKELLO; HILLOCKS, 2002) foram identificadas em áreas onde também ocorre a raça 18.

No Brasil, quatro raças de *Xam* menos agressivas (3, 8, 10 e 19) foram identificadas no passado. As raças 3, 8 e 10 foram identificadas no Estado de São Paulo (CIA, 1972), enquanto a raça 19 foi constatada coexistindo com a raça 18 no Estado do Paraná (RUANO; MOHAN, 1982). Nenhuma destas raças menos agressivas previamente encontradas no Brasil em tempos passados foi constatada neste trabalho. Uma explicação para a não constatação dessas raças neste levantamento é que, na região onde foi realizado o atual estudo de frequência e distribuição de raças de *Xam* (Cerrado dos estados da Bahia, Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul – Figuras 2 e 3), o *background* genético dos materiais utilizados é bem distinto daquele empregado no passado nos estados de São Paulo e Paraná, sendo, provavelmente, inadequado para o desenvolvimento de raças menos agressivas, tais como as raças 3 (virulenta apenas aos genes B_{sm} e B_{1n}), 8 (virulenta apenas aos genes B_{sm} , B_2 , B_7 e B_{1n}), 10 (virulenta apenas aos genes B_{sm} , B_2 , B_7 , B_{1n} e B_N) e 19 (virulenta apenas aos genes B_{1n} e B_N). Em vários estudos em que se avaliou a distribuição de raças de *Xam* em outros países (BALDIN; WRATHER, 1973; BRINKERHOFF, 1970; CHEW *et al.*, 1969; SCHNATHORST *et al.*, 1960), constatou-se que quando variedades suscetíveis não estão disponíveis diminui a possibilidade de se encontrar raças menos virulentas.

Outro aspecto que deve ser levado em consideração na prevalência da raça 18 neste estudo é o fato de que esta raça é mais agressiva que as raças 3, 8, 10 e 19, sendo virulenta a praticamente todos os genes que conferem resistência à mancha-angular do algodoeiro, com exceção dos complexos gênicos $B_2B_3B_{sm}$ (FOLLIN *et al.*, 1988; INNES, 1974), $B_2B_3B_6$ (INNES, 1974), $B_{9L}B_{10L}$ (INNES, 1965) e B_{12} (WALLACE; EL-ZIK, 1989; XIAO *et al.*, 2010), o que supostamente a favoreceria em uma competição e estabelecimento frente a essas raças menos agressivas.

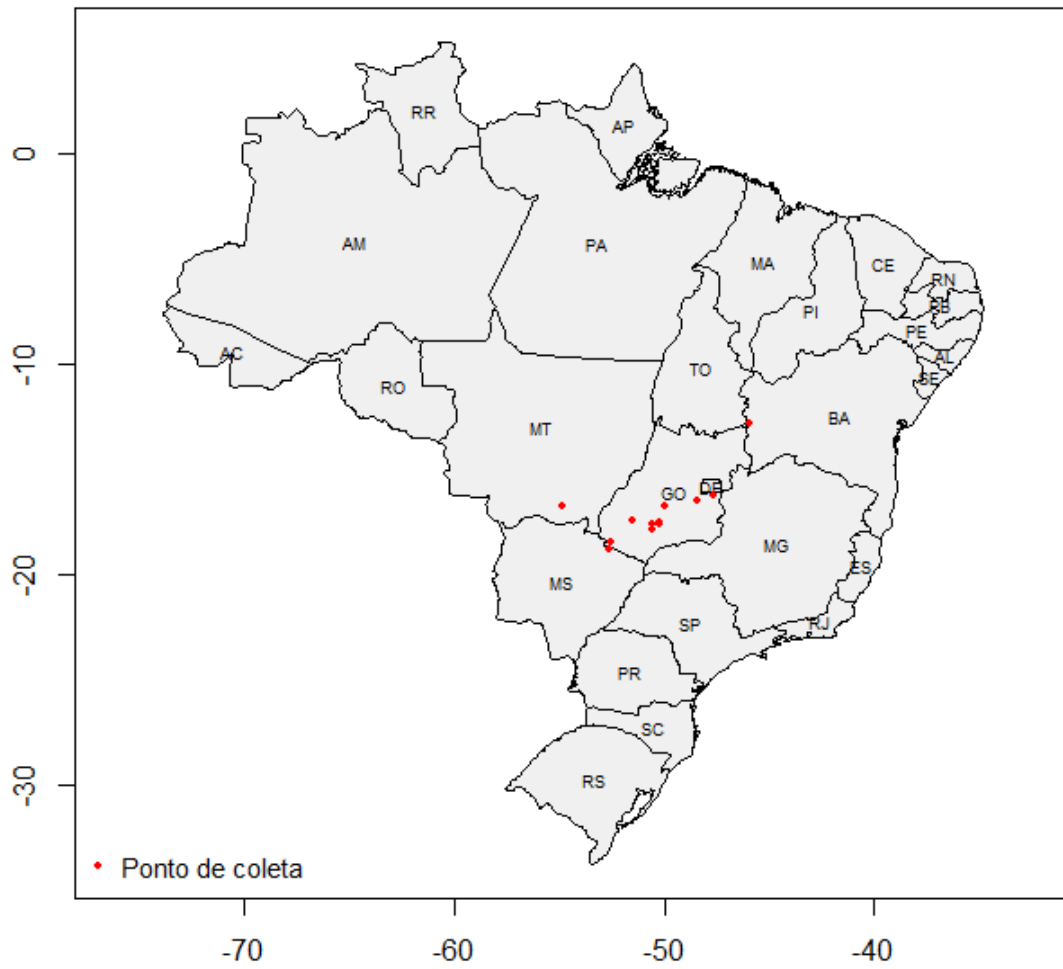


Figura 2 - Mapa do Brasil evidenciando os pontos onde foram realizadas coletas de folhas de algodoeiro com sintomas típicos de mancha-angular.

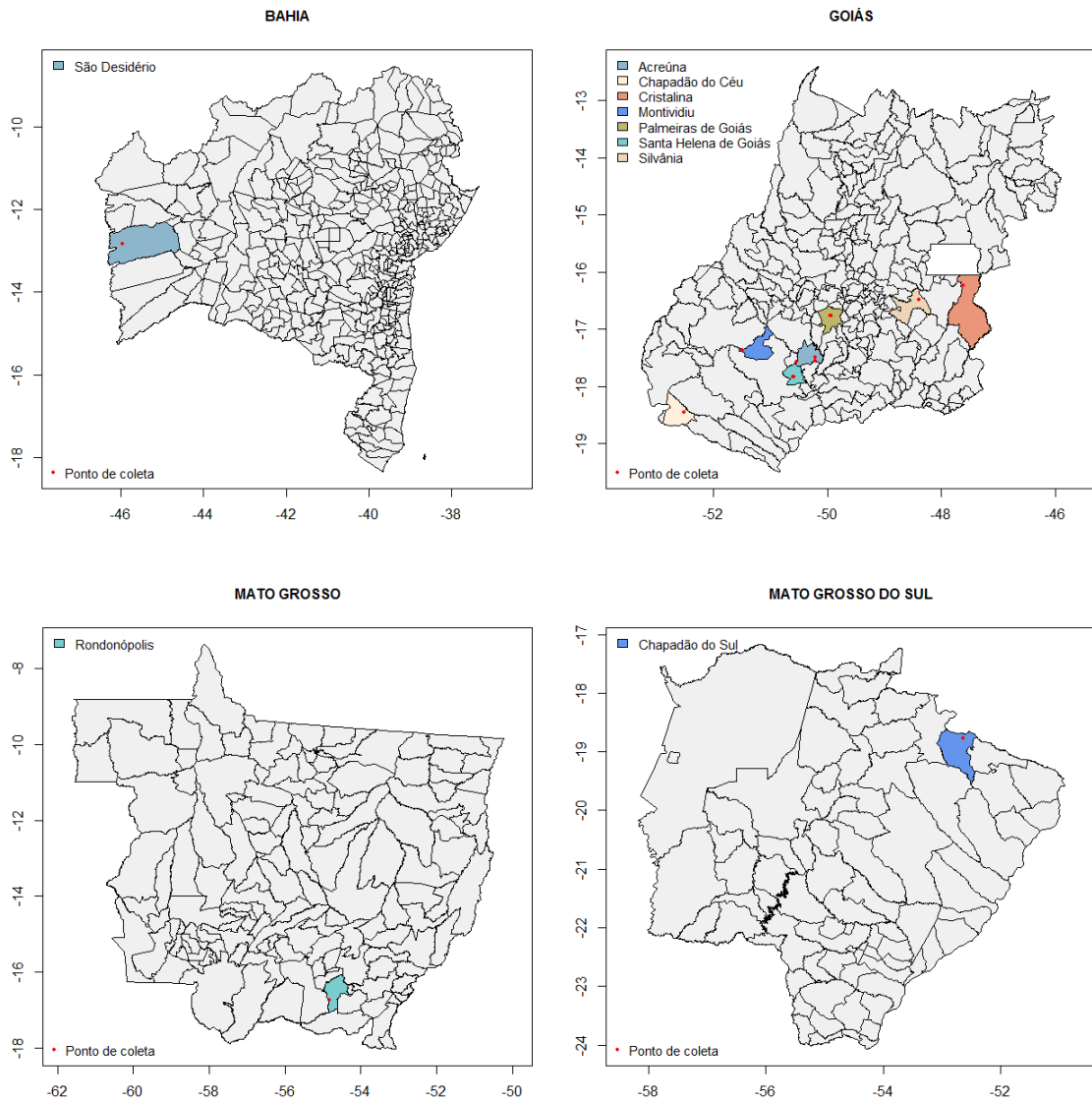


Figura 3 - Municípios dos estados da Bahia, Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul onde foram realizadas coletas de folhas de algodoeiro com sintomas típicos de mancha-angular.

No Brasil, com a mudança da área de cultivo de algodão para a região de Cerrado, nos últimos 20 anos, e com o aumento dos danos provocados por outras doenças, houve a preocupação nos programas de melhoramento de algodoeiro em desenvolver cultivares resistentes a várias doenças, entre elas a mancha-angular do algodoeiro causada por *Xam*. Nesses programas têm-se utilizado, como parentais nos cruzamentos, genótipos contendo a combinação do genes $B_2B_3B_6$ e $B_{9L}B_{10L}$ (LIMA; VIEIRA, 1999), que são efetivos contra as raças de *Xam* mais frequentes que ocorrem no mundo, inclusive à raça 18. Isso pode explicar porque nunca houve registros de epidemias e danos significativos causados por *Xam* no País. Em um trabalho recente, Silva (2010) constatou que as principais cultivares de algodoeiro

plantadas no Brasil (DeltaOPAL, Fibermax 966, FMT-701, BRS 286, Coodetec 401, Fibermax 993 e BRS 293) possuem genes de resistência que são efetivos contra todas as raças de *Xam* já identificadas no Brasil.

Até o início da década de 1980, a combinação gênica B_2B_3 foi efetiva contra todas as raças de *Xam* até então conhecidas. A raça 18 no sistema de Hunter *et al.* (1968) era a única virulenta aos genótipos que compõem a série diferenciadora, exceto 101-102B, que possui a combinação gênica $B_2B_3B_{sm}$; porém, com a identificação de patótipos mais agressivos, capazes de suplantar aos genes B_2 e B_3 piramidados (FOLLIN, 1983; THAXTON *et al.*, 1983), inclusive em 101-102B, houve a preocupação em se adicionar mais um genótipo à série diferenciadora para identificar novas raças capazes de suplantar a combinação gênica $B_2B_3B_{sm}$. Para tanto, foi adicionada a cultivar S-295. Essa cultivar é resistente às raças de 1 a 20 de *Xam*, sendo o padrão de resistência utilizado em todo mundo, a qual é atribuída à presença do gene B_{12} (WALLACE; EL-ZIK, 1989).

Nesse sentido, é importante que levantamentos, como o realizado neste trabalho, para monitorar a frequência e a distribuição de raças *Xam* no Brasil sejam realizados com certa regularidade, com o intuito de subsidiar os programas de melhoramento genético em relação à introgressão de novos genes capazes de oferecer às novas cultivares lançadas resistência genética a raças de *Xam* não presentes no Brasil, como a raça 20, ou mesmo de novas raças que possam surgir no futuro, e que possam comprometer a cotonicultura nacional.

4 CONCLUSÃO

Os 92 isolados de *X. axonopodis* pv. *malvacearum* obtidos nos principais estados produtores de algodão do Brasil, na safra 2008-2009 foram caracterizados como pertencentes à raça 18. Esses isolados estão sendo mantidos preservados na Coleção de Culturas de Microrganismos Fitopatogênicos da Embrapa Algodão.

FREQUENCY AND DISTRIBUTION OF RACES OF COTTON BLIGHT DISEASE AGENT *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* IN BRAZIL

BRAGA¹, Waleska de Sousa; COUTINHO², Wirton Macedo

ABSTRACT

Cotton blight disease caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* (*Xam*) is one of the world's most widely distributed and most devastating diseases of cotton (*Gossypium* spp.). About 20 *Xam* races have been described worldwide, which at least five (3, 8, 10, 18 and 19) were found in Brazil. This study aimed to determine the frequency and distribution of *Xam* races in Brazil. In the season 2008-2009, leaves showing cotton blight symptoms were collected of 12 cotton-producing areas in the States of Bahia, Goiás, Mato Grosso and Mato Grosso do Sul. Cultures isolated from infected plant material at several locations in each State were previously tested by using biochemical tests as well as by inoculating the cotton cv. Acala 44 (susceptible to all *Xam* races) to determine *Xam* specie. The race characterization was performed by injecting gently the prepared bacterial suspension of each isolate obtained in 10 differentials (Acala 44, Stoneville 2B-S9, Stoneville 20, Mebane B1, 1-10B, 101-102B, Gregg 8, Empire B4, PDX P4 and S-295) using a needleless syringe. The race identification was performed according to the system developed by Hunter et al. (1968) and improved by Bird (1981). All *Xam* isolated obtained were characterized as race 18. The races 3, 8, 10 and 19 previously found in Brazil were not detected in this work.

Keywords: *Gossypium hirsutum*. Bacteria. Differentials.

¹ Graduanda em Licenciatura e Bacharelado em Ciências Biológicas pela Universidade Estadual da Paraíba – UEPB. E-mail: waleska.braga@hotmail.com

² Engenheiro-agrônomo, Mestre em Agronomia/Fitopatologia. Pesquisador B da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa). E-mail: wirton.coutinho@embrapa.br

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKELLO, B.; HILLOCKS, R. J. Distribution and races of *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* on cotton (*Gossypium hirsutum*) in Uganda. **Journal of Phytopathology**, Berlin, v. 150, n. 2, p. 65-69, 2002.

ALIPPI, A.; HAYWARD, A. C. Races of *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* occurring in Queensland and Western Australia. **Australasian Plant Pathology**, Clayton, v. 16, n. 1, p. 16, 1987.

ALLEN, S. J.; WEST, K. L. D. Predominance of race 18 of *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* on cotton in Australia. **Plant Disease**, St. Paul, v. 75, n. 1, p. 43-44, 1991.

BALDIN, C. H.; WRATHER, J. A. Identification of existing races of *Xanthomonas malvacearum* occurring throughout Mississippi river delta. In: PROCEEDINGS OF THE BELTWISE COTTON PRODUCTION RESEARCH CONFERENCES, 33., Phoenix. **Resumos...** Memphis: Cotton Disease Council, 1973, p. 29.

BIRD, L. S. Cotton. In: NELSON, R. R. (Ed.). **Breeding plants for disease resistance: concepts and applications**. 2 ed. University Park: Pennsylvania State University Press, 1977. p. 181-198.

BIRD, L. S. Report of the bacterial blight committee. In: PROCEEDINGS OF THE BELTWISE COTTON PRODUCTION RESEARCH CONFERENCES, 41., New Orleans. **Resumos...** Memphis: Cotton Disease Council, 1981, p. 6.

BRINKERHOFF, L. A. Variation in *Xanthomonas malvacearum* and its relation to control. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 8, p. 85-110, 1970.

CHEW, C. F.; PRESLEY, J. T.; STATEN, G. Survey, screening and breeding for bacterial blight resistance in cotton. **Plant Disease Reporter**, Beltsville, v. 53, n. 5, p. 390-391, 1969.

CHOWDHURY, H. D.; SINGH, R. P.; VERMA, J. P. Presence of more than one race of *Xanthomonas malvacearum* in lesions on leaves of *Gossypium hirsutum*. **Indian Phytopathology**, New Delhi, v. 32, n. 1, p. 110-112, 1979.

CIA, E. **Variabilidade de *Xanthomonas malvacearum* (E. F. Smith) Dowson, no Estado de São Paulo**. 1972. 57 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura de São Paulo Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1972.

EI-ZIK, K. M.; BIRD, L. S. Effectiveness in specific genes and gene combinations in conferring resistance to race of *Xanthomonas malvacearum* in upland cotton. **Phytopathology**, St. Paul, v. 60, n. 3, p. 441-447, 1970.

FAO. **FAOSTAT**. Rome, jun. 2012. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>>. Acesso em: 09 jun. 2012.

FOLLIN, J. C. New races of *Xanthomonas malvacearum* virulent to the B₂B₃ gene combination in *G. hirsutum*. In: PROCEEDINGS OF THE BELTWISE COTTON PRODUCTION RESEARCH CONFERENCES, 43., San Antonio, **Resumos...** Memphis: Cotton Disease Council, 1983, p. 5.

FOLLIN, J. C.; GIRARDOT, B.; MANGANO, V.; BENITEZ, R. New results on inheritance of immunity to bacterial blight (*Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* (Smith) Dye, race 18 and 20) in the cotton plant (*Gossypium hirsutum* L.). **Coton et Fibres Tropicales**, Paris, v. 43, n. 3, p. 172-174, 1988.

GHOLVE, V. M.; KURUNDKAR, B. P.; MESHARAM, M. K.; WASULE, D. L. Prevalence of races of *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* in Marathwada region of Maharashtra State. **Journal of Cotton Research and Development**, v. 19, n. 2, p. 254-256, 2005.

HILLOCKS, R. J. Bacterial blight. In: HILLOCKS, R. J. (Ed.). **Cotton Diseases**. Wallingford: CAB International, 1992. p. 39-85.

HUNTER, R. E.; BRINKERHOFF, L. A.; BIRD, L. S. The development of a set of upland cotton lines for differentiating races of *Xanthomonas malvacearum*. **Phytopathology**, St. Paul, v. 58, n. 6, p. 830-832, 1968.

HUSSAIN T.; BRINKERHOFF L. A. Race of the cotton bacterial blight, *Xanthomonas malvacearum*, identified in Pakistan in 1977. **Plant Disease Reporter**, Beltsville, v. 62, n. 12, p. 1085-1087, 1978.

HUSSAIN, T. Prevalence and distribution of *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* races in Pakistan and their reaction to different cotton lines. **Tropical Pest Management**, London, v. 30, n. 2, p. 159-162, 1984.

IBGE. **Sistema IBGE de recuperação automática - SIDRA: banco de dados agregados**. Brasília, jun. 2012. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?z=t&o=1&i=P&e=1&c=1618>>. Acesso em: 30 jun. 2012.

INNES, N. L. Resistance to bacterial blight of cotton: The genes B₉ and B₁₀. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 1, n. 3, p. 189-191, 1965.

INNES, N. L. Resistance to bacterial blight of cotton varieties homozygous for combination of B resistance genes. **Annals of Applied Biology**, Cambridge, v. 78, n. 1, p. 89-98, 1974.

INNES, N. L. Gene banks and their contribution to the breeding of disease resistance cultivars. **Euphytica**, Wageningen, v. 63, n. 1-2, p. 23-31, 1992.

KADO, C. I.; HESKETT, M. G. Selective media for isolation of *Agrobacterium*, *Corynebacterium*, *Erwinia*, *Pseudomonas* and *Xanthomonas*. **Phytopathology**, St. Paul, v. 60, n. 6, p. 969-976, 1970.

KNIGHT, R. L.; CLOUSTON, T. W. The genetics of blackarm resistance I. Factors B₁ and B₂. **Journal of Genetics**, Bangalore, v. 38, n. 1-2, p. 133-159, 1939.

LIMA, E. F.; VIEIRA, R. de M. Melhoramento do algodoeiro para resistência às doenças. In: BELTRÃO, N. E. de M. (Org.) **O Agronegócio do Algodão no Brasil**. 2 ed. (v. 1). Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 1999. p. 296-314.

MADANI, A. S.; MAREFAT, A.; BEHBOUDI, K.; GHASEMI, A. Phenotypic and genetic characteristics of *Xanthomonas citri* subsp. *malvacearum*, causal agent of cotton blight, and identification of races in Iran. **Australasian Plant Pathology**, Clayton, v. 39, n. 5, p. 440-445, 2010.

MARIANO, R. de L. R.; SILVEIRA, E. B. da (Eds.) **Manual de Práticas em Fitobacteriologia**. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2005. 184 p.

MARUR, C. J.; RUANO, O. A. A reference system for determination of developmental stages of upland cotton. **Revista de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 5, n. 2, p. 313-317, 2001.

RUANO, O. A.; MOHAN, S. K. Nova raça de *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* (Smith) Dye no Estado do Paraná. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 7, n. 3, p. 439-442, 1982.

RUNGIS, D.; LLEWELLYN, D.; DENNIS, E. S.; LYON, B. R. Investigation of the chromosomal location of the bacterial blight resistance gene present in an Australian cotton (*Gossypium hirsutum* L.) cultivar. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 53, n. 5, p. 551-560, 2002.

SAUNDERS, J. H.; INNES, N. L. The genetics of bacterial blight resistance in cotton: further evidence on the gene B_{6m}. **Genetical Research**, London, v. 4, n. 3, p. 382-388, 1963.

SCHNATHORST, W. C.; HALISKY, M. P.; MARTIN, R. D. History, distribution, races and disease cycle of *X. malvacearum* in California. **Plant Disease Reporter**, Beltsville, v. 44, n. 8, p. 603-608, 1960.

SILVA, R. A. **Métodos rápidos para avaliação genotípica e fenotípica da resistência de algodoeiros à *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum***. Campina Grande – PB: Universidade Estadual da Paraíba. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Ciências Biológicas). 49p. 2010.

SUASSUNA, N. D.; COUTINHO, W. M.; ASMUS, G. L.; INOMOTO, M. M.; CHITARRA, L. G. Manejo de doenças do algodoeiro. In: BELTRÃO, N. E. M.; AZEVEDO, D. M. P. (Org.). **O Agronegócio do Algodão no Brasil**. 2 ed. (vol. 2). Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 2008. p. 983-1032.

THAXTON, P.; BIRD, L. S.; EL-ZIK, K. M. Variability for resistance to new races of *X. malvacearum*. In: PROCEEDINGS OF THE BELTWISE COTTON PRODUCTION RESEARCH CONFERENCES, 43., San Antonio. **Resumos...** Memphis: Cotton Disease Council, 1983, p. 6-7.

THAXTON, P. M.; EL-ZIK, K. M. Bacterial blight. In: KIRKPATRICK, T. L.; ROTHROCK, C. S. (Eds.) **Compendium of cotton diseases**. 2 ed. St. Paul: The American Phytopathological Society, 2001. p. 34-35.

WALLACE, T. P.; EL-ZIK, K. M. Inheritance of resistance in three cotton cultivars to the HV1 isolate of bacterial blight. **Crop Science**, Madison, v. 29, n. 5 p. 1114-1119, 1989.

WALLACE, T. P.; EL-ZIK, K. M. Quantitative analysis of resistance in cotton to three new isolates of the bacterial blight pathogen. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 79, n. 4, p. 443-448, 1990.

XIAO, J.; FANG, D. D.; BHATTI, M.; HENDRIX, B.; CANTRELL, R. A SNP haplotype associated with a gene resistant to *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 25, n. 4, p. 593-602, 2010.