

Sete Lagoas, MG  
Dezembro, 2015

### Autores

**Cynthia M. Borges Damasceno<sup>1</sup>**  
Bióloga, Ph.D. em Fitopatologia,  
Pesq. Embrapa Milho e Sorgo,  
CP -151, CEP 35701-970,  
Sete Lagoas, MG. cynthia.damasceno@embrapa.br

**Maria Marta Pastina<sup>2</sup>**  
Eng<sup>o</sup>-Agrôn., D.Sc. em Genética  
e Melhoramento, Pesquisadora  
Embrapa Milho e Sorgo, CP-151,  
CEP 35701-970, Sete Lagoas,  
MG.  
marta.pastina@embrapa.br

**Paulo Evaristo de O. Guimarães<sup>3</sup>**  
Eng<sup>o</sup>-Agrôn., Ph.D em Genética  
e Melhoramento, Pesquisadora  
Embrapa Milho e Sorgo, CP  
-151, CEP 35701-970 Sete  
Lagoas, MG.  
paulo.guimaraes@embrapa.br

**Rodrigo Veras da Costa**  
Eng<sup>o</sup>-Agrôn., D.Sc. em Fitopa-  
tologia, Pesq. Embrapa Milho e  
Sorgo, CP -151, CEP 35701-970,  
Sete Lagoas, MG.  
rodrigo.veras@embrapa.br

**Luciano Viana Cota<sup>5</sup>**  
Eng<sup>o</sup>-Agrôn., D.Sc. em Fitopa-  
tologia, Pesquisador Embrapa  
Milho e Sorgo, CP -151, CEP  
35701-970, Sete Lagoas, MG.  
luciano.cota@embrapa.br

**Dagma Dionísia da Silva<sup>6</sup>**  
Eng<sup>o</sup>-Agrôn., D.Sc. em Fitopa-  
tologia, Pesq. Embrapa Milho e  
Sorgo, CP -151, CEP 35701-970,  
Sete Lagoas, MG.  
dagma.silva@embrapa.br

## Identificação de Fontes de Resistência à Ferrugem-polissora em Milho e Desenvolvimento de População de Mapeamento

### Introdução

A cultura do milho no Brasil tem apresentado aumento significativo de intensidade de doenças na última década, principalmente em relação a doenças foliares, gerando preocupações sobre o potencial de perdas e danos caso não haja controle efetivo do problema (COSTA et al., 2013). Dentre as estratégias de controle mais utilizadas está o uso de produtos químicos (principalmente fungicidas) e variedades resistentes. Uma das doenças que tem gerado maior preocupação nos produtores de milho no Brasil é a ferrugem-polissora, causada pelo fungo *Puccinia polysora* Underwood. Ela é bastante agressiva, podendo causar perdas de produtividade superiores a 50%, o que tem sido relatado com frequência nas principais regiões produtoras (JINES et al., 2007; COSTA et al., 2010).

A resistência do tipo HR (hipersensibilidade) tem sido identificada em genótipos de milho, a qual é efetiva em reduzir as perdas na produtividade e, essencialmente, reduz a disseminação secundária do inóculo dentro e entre as áreas de cultivo (MELCHING, 1975). Os genes de resistência para controle de *P. polysora* em milho são raça-específicos e geralmente são dominantes ou dominantes incompletos (STOREY; HOWLAND, 1957; ULLSTRUP, 1965; BREWBAKER et al., 2011). Os genes *Rpp1* e *Rpp2* conferem resistência às raças EA1 e EA2, respectivamente (STOREY; HOWLAND, 1957). Segundo os autores, esses genes, aparentemente, não estão ligados, mas a sua localização no genoma ainda não foi determinada. O gene *Rpp9*, que confere resistência à raça PP.9, está fortemente ligado ao gene *Rp1* para resistência à ferrugem comum do milho (*Puccinia sorghi* Schw.), localizado no braço curto do cromossomo 10 (ULLSTRUP 1965). Outros genes de efeito maior para resistência à ferrugem-polissora, também localizados no braço curto do cromossomo 10, têm sido identificados em diferentes germoplasmas de milho. Recentemente, Wu et al. (2015) mapearam e identificaram um novo gene de resistência, *RppS*, também no braço curto do cromossomo 10 (região 10S), adjacente ao gene *Rpp9* (ULLSTRUP, 1965), *RppQ* (CHEN et al., 2004; ZHOU et al., 2007), *RppD* (ZHANG et al., 2010) e *RppP25* (ZHAO et al. 2013), além dos genes de resistência à ferrugem comum, *Rp1* (ULLSTRUP, 1965) e *Rp5* (HULBERT; BENNETZEN, 1991). Entretanto, como as posições físicas desses genes ainda não foram determinadas, as distâncias exatas entre eles ainda são desconhecidas. Assim, Wu et al. (2015) denominaram essa região 10S como "Rpp cluster", devido ao grande número de genes para resistência para ferrugem-polissora.

Entretanto, ainda não está claro se constituem formas alélicas de *Rpp9*, em uma região próxima dos outros genes de resistência já identificados para doença. Apesar da eficácia dos genes de resistência, o uso deles isoladamente em cultivares pode levar à rápida seleção de indivíduos na população do patógeno que, por falta do gene de avirulência correspondente, não são mais identificados pela planta, quebrando a resistência. Assim, além dos genes que conferem resistência do tipo HR, é também importante identificar e utilizar resistência de amplo espectro, notoriamente de característica poligênica e mais duradoura.

A identificação de genótipos resistentes tem sido um dos principais gargalos dos programas de melhoramento, sendo seu uso uma importante medida para o manejo da doença. Uma das dificuldades para a seleção de genótipos resistentes à ferrugem-polissora é a inconsistência da ocorrência da doença nos ambientes de seleção (enquanto um ano pode apresentar altíssima severidade, no seguinte pode ocorrer ausência da doença). Outro fator é a alta variabilidade genética do fungo *P. polysora*, o que permite rápida adaptação aos materiais resistentes disponíveis no mercado. Assim, é imprescindível um trabalho contínuo de identificação de novas fontes de resistência, mais efetivas no controle da doença e de maior durabilidade. O programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo tem investido na fenotipagem de um grande número de genótipos para identificação de fontes de resistência e desenvolvimento de populações segregantes para melhor entender a base genética da resistência.

## Avaliação Fenotípica da Reação à Ferrugem-polissora em Genótipos de Milho





A avaliação de genótipos quanto a reação (resistência ou suscetibilidade) à ferrugem-polissora para identificação de matérias resistentes foi realizada em casa de vegetação. As inoculações foram feitas nas plantas aos 15 dias após o plantio (DAP), utilizando-se como inóculo os uredósporos do isolado monopustular de *P. polysora* obtidos em Rio Verde-GO, a uma concentração de  $10^4$  uredósporos/mL. As plantas inoculadas foram mantidas em câmara úmida sob condição de temperatura entre 25 e 30 °C e umidade relativa de, aproximadamente, 90% durante 12 horas. Após esse período as plantas foram mantidas em casa de vegetação, com temperatura de 25 a 30 °C. As avaliações foram realizadas aos 30 DAP, utilizando-se uma escala de classes de resistência ou suscetibilidade (Figura 1). Após as avaliações, as plantas que foram utilizadas para produção de sementes da população seguinte foram transplantadas em campo, na área experimental da Embrapa Milho e Sorgo.

## Identificação de Fontes de Resistência

Em 2012, 490 materiais para resistência à ferrugem-polissora foram fenotipados pela Embrapa Milho e Sorgo para a reação à doença: 91 linhagens elites, 164 híbridos simples entre linhagens de diferentes grupos heteróticos e 235 híbridos entre linhagens do mesmo grupo heterótico. Com base nessas avaliações, foi selecionado um grupo de 10 híbridos simples mais resistentes cujas linhagens progenitoras foram contrastantes

em níveis de resistência para essa doença (Tabela 1). Estes híbridos ( $F_1$ ) foram autofecundados para obtenção da geração  $F_2$ , que foi então avaliada em casa de vegetação para resistência à ferrugem-polissora, juntamente com as linhagens parentais e gerações  $F_1$ . Para cada população avaliada, foram obtidas estimativas para os seguintes parâmetros: média, variância (fenotípica, genética e residual), desvio padrão, intervalo

de confiança para a média (95%), coeficiente de variação, e probabilidades para cada classe de reação à ferrugem-polissora ( $R_0$ ,  $R_1$ ,  $R_2$ ,  $S^-$ ,  $S$ ,  $S^+$ ), a qual foi convertida em uma escala de números, variando de 1 a 6 para realização do cálculo dos parâmetros avaliados (Tabelas 1 e 2).

$R^0$	Ausência de qualquer reação nas folhas	
$R^1$	Presença de "flecks" cloróticos a necróticos sem a formação de urédias	
$R^2$	Poucas urédias formadas com pequena quantidade de uredósporos	
$S^-$	Presença de pequena quantidade urédias, com ou sem clorose ou amarelecimento, e severidade inferior a 30% na folha	
$S$	Presença de uma grande quantidade de urédias, com ou sem clorose ou amarelecimento, contendo abundante produção de uredósporos e severidade entre 30 e 50% na folha	
$S^+$	Presença de uma grande quantidade de urédias, com ou sem clorose ou amarelecimento, contendo abundante produção de uredósporos e severidade superior a 50% na folha	

**Figura 1.** Escala de avaliação da ferrugem-polissora em folhas de milho.

**Tabela 1.** Estimativas de média, variância (fenotípica, genética e residual), desvio padrão, intervalo de confiança para a média (95%), coeficiente de variação nas linhagens, progênies  $F_1$  e  $F_2$ .

Linhagem	Genitor 1	Genitor 2	Número de Plantas por Classe de Reação						Total de Plantas	Média	Variância Fenotípica	Desvio Padrão	Coeficientes de Variação (%)	Variância Genética	Variância Residual	Intervalo de Confiança para a Média (95%)
			R0	R1	R2	S-	S	S+								
L3	-	-	0	0	0	6	3	0	9	4,33	0,25	0,50	11,54	0,00	0,25	3,95 - 4,72
371081-4	-	-	4	6	0	0	0	0	10	1,60	0,27	0,52	32,27	0,00	0,27	1,23 - 1,97
530850	-	-	0	0	0	5	9	0	14	4,64	0,25	0,50	10,71	0,00	0,25	4,36 - 4,93
521162	-	-	0	0	0	7	5	0	12	4,42	0,27	0,51	11,66	0,00	0,27	4,09 - 4,74
371074-9	-	-	9	1	0	0	0	0	10	1,10	0,10	0,32	28,75	0,00	0,10	0,87 - 1,33
371056-1	-	-	0	0	0	2	8	0	10	4,80	0,18	0,42	8,78	0,00	0,18	4,50 - 5,10
531542	-	-	0	0	0	1	10	0	11	4,91	0,09	0,30	6,14	0,00	0,09	4,71 - 5,11
371087-3	-	-	0	0	0	5	6	0	11	4,55	0,27	0,52	11,49	0,00	0,27	4,19 - 4,90
5702816	-	-	0	0	0	5	7	0	12	4,58	0,27	0,51	11,23	0,00	0,27	4,26 - 4,91
371080-4	-	-	0	0	0	5	7	0	12	4,58	0,27	0,51	11,23	0,00	0,27	4,26 - 4,91
228-3	-	-	0	0	0	4	8	0	12	4,67	0,24	0,49	10,55	0,00	0,24	4,35 - 4,98
371066-6	-	-	0	4	5	3	0	0	12	2,92	0,63	0,79	27,19	0,00	0,63	2,41 - 3,42
521236	-	-	0	0	0	5	7	0	12	4,58	0,27	0,51	11,23	0,00	0,27	4,26 - 4,91

**Tabela 1.** Estimativas de média, variância (fenotípica, genética e residual), desvio padrão, intervalo de confiança para a média (95%), coeficiente de variação nas linhagens, progênies  $F_1$  e  $F_2$ . (Continuação)

Linhagem	Genitor 1	Genitor 2	Número de Plantas por Classe de Reação					Total de Plantas	Média	Variância Fenotípica	Desvio Padrão	Coeficientes de Variação (%)	Variância Genética	Variância Residual	Intervalo de Confiança para a Média (95%)
			R0	R1	R2	S-	S+								
L3	-	-	0	0	0	6	3	0	9	4,33	0,50	11,54	0,00	0,25	3,95 - 4,72
371081-4	-	-	4	6	0	0	0	0	10	1,60	0,52	32,27	0,00	0,27	1,23 - 1,97
530850	-	-	0	0	0	5	9	0	14	4,64	0,50	10,71	0,00	0,25	4,36 - 4,93
521162	-	-	0	0	0	7	5	0	12	4,42	0,51	11,66	0,00	0,27	4,09 - 4,74
371074-9	-	-	9	1	0	0	0	0	10	1,10	0,32	28,75	0,00	0,10	0,87 - 1,33
371056-1	-	-	0	0	0	2	8	0	10	4,80	0,42	8,78	0,00	0,18	4,50 - 5,10
531542	-	-	0	0	0	1	10	0	11	4,91	0,30	6,14	0,00	0,09	4,71 - 5,11
371087-3	-	-	0	0	0	5	6	0	11	4,55	0,52	11,49	0,00	0,27	4,19 - 4,90
5702816	-	-	0	0	0	5	7	0	12	4,58	0,51	11,23	0,00	0,27	4,26 - 4,91
371080-4	-	-	0	0	0	5	7	0	12	4,58	0,51	11,23	0,00	0,27	4,26 - 4,91
228-3	-	-	0	0	0	4	8	0	12	4,67	0,49	10,55	0,00	0,24	4,35 - 4,98
371066-6	-	-	0	4	5	3	0	0	12	2,92	0,79	27,19	0,00	0,63	2,41 - 3,42
521236	-	-	0	0	0	5	7	0	12	4,58	0,51	11,23	0,00	0,27	4,26 - 4,91

**Tabela 1.** Estimativas de média, variância (fenotípica, genética e residual), desvio padrão, intervalo de confiança para a média (95%), coeficiente de variação nas linhagens, progênies F1 e F2. (Continuação)

F <sub>2</sub>	Genitor 1	Genitor 2	Número de Plantas por Classe de Reação										Total de Plantas	Média	Variância Fenotípica	Desvio Padrão	Coeficientes de Variação (%)	Variância Genética	Variância Residual	Intervalo de Confiança para a Média (95%)
			R0	R1	R2	S-	S	S+												
5110658	L3	371081-4	0	38	1	3	6	0	48	2,52	1,15	1,07	42,51	0,92	0,23	2,22 - 2,82				
5110699	530850	371081-4	2	27	0	0	17	0	46	3,07	2,28	1,51	49,31	2,06	0,23	2,63 - 3,50				
5110704	521162	371081-4	5	35	0	0	10	0	50	2,50	1,68	1,30	51,90	1,45	0,23	2,14 - 2,86				
5110731	371074-9	371081-4	1	30	2	0	14	0	47	2,91	1,95	1,40	47,90	1,72	0,23	2,52 - 3,31				
5110742	371056-1	371081-4	3	8	4	1	29	0	45	4,00	2,09	1,45	36,15	1,86	0,23	3,58 - 4,42				
5110759	371081-4	531542	5	17	9	0	15	1	47	3,13	2,29	1,51	48,36	2,06	0,23	2,70 - 3,56				
5110762	371081-4	371056-1	9	4	7	0	22	0	42	3,52	2,84	1,69	47,83	2,61	0,23	3,01 - 4,03				
5110804	371087-3	5702816	0	0	0	1	45	0	46	4,98	0,02	0,15	2,96	-0,21	0,23	4,94 - 5,02				
5110808	371087-3	371056-1	0	0	2	13	35	0	50	4,66	0,31	0,56	11,96	0,08	0,23	4,51 - 4,81				
5110819	371080-4	228-3	0	0	0	8	30	0	38	4,79	0,17	0,41	8,63	-0,06	0,23	4,66 - 4,92				
5110830	371066-6	228-3	0	0	6	9	33	1	49	4,59	0,54	0,73	15,98	0,31	0,23	4,39 - 4,80				
5110858	371056-1	521236	0	0	5	21	22	0	48	4,35	0,45	0,67	15,34	0,22	0,23	4,17 - 4,54				

**Tabela 2.** Probabilidades para cada classe de reação à ferrugem-polissora (R0, R1, R2, S-, S, S+), nas linhagens, progênies F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>.

Linhagem	Genitor 1	Genitor 2	Probabilidades								
			Resistente	Suscetível	R0	R1	R2	S-	S	S+	
L3	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,67	0,33	0,00
371081-4	-	-	1,00	0,00	0,40	0,60	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
530850	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,36	0,64	0,00
521162	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,58	0,42	0,00
371074-9	-	-	1,00	0,00	0,90	0,10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
371056-1	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,20	0,80	0,00
531542	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,09	0,91	0,00
371087-3	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,45	0,55	0,00
5702816	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,42	0,58	0,00
371080-4	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,42	0,58	0,00
228-3	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,33	0,67	0,00
371066-6	-	-	0,75	0,25	0,00	0,33	0,42	0,42	0,25	0,00	0,00
521236	-	-	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,42	0,58	0,00

**Tabela 2.** Probabilidades para cada classe de reação à ferrugem-polissora (R0, R1, R2, S-, S, S+), nas linhagens, progênies F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>. (Continuação)

F <sub>1</sub>	Genitor 1	Genitor 2	Probabilidades							
			Resistente	Suscetível	R0	R1	R2	S-	S	S+
(5110497 x 5110518)	L3	371081-4	1,00	0,00	0,89	0,11	0,00	0,00	0,00	0,00
(5110506 x 5110518)	530850	371081-4	1,00	0,00	0,38	0,63	0,00	0,00	0,00	0,00
(5110507 x 5110518)	521162	371081-4	1,00	0,00	0,10	0,90	0,00	0,00	0,00	0,00
(5110513 x 5110518)	371074-9	371081-4	1,00	0,00	0,64	0,36	0,00	0,00	0,00	0,00
(5110515 x 5110518)	371056-1	371081-4	0,18	0,82	0,00	0,00	0,18	0,82	0,00	0,00
(5110518 x 5110502)	371081-4	531542	1,00	0,00	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00
(5110518 x 5110515)	371081-4	371056-1	0,25	0,75	0,00	0,00	0,25	0,75	0,00	0,00
(5110528 x 5110527)	371087-3	5702816	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,64	0,36	0,00
(5110528 x 5110540)	371087-3	371056-1	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,67	0,33	0,00
(5110530 x 5110521)	371080-4	228-3	-	-	-	-	-	-	-	-
(5110532 x 5110521)	371066-6	228-3	0,67	0,33	0,00	0,00	0,67	0,33	0,00	0,00
(5110540 x 5110522)	371056-1	521236	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,42	0,58	0,00



**Tabela 2.** Probabilidades para cada classe de reação à ferrugem-polissora (R0, R1, R2, S-, S, S+), nas linhagens e progênies F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>.  
(Continuação)

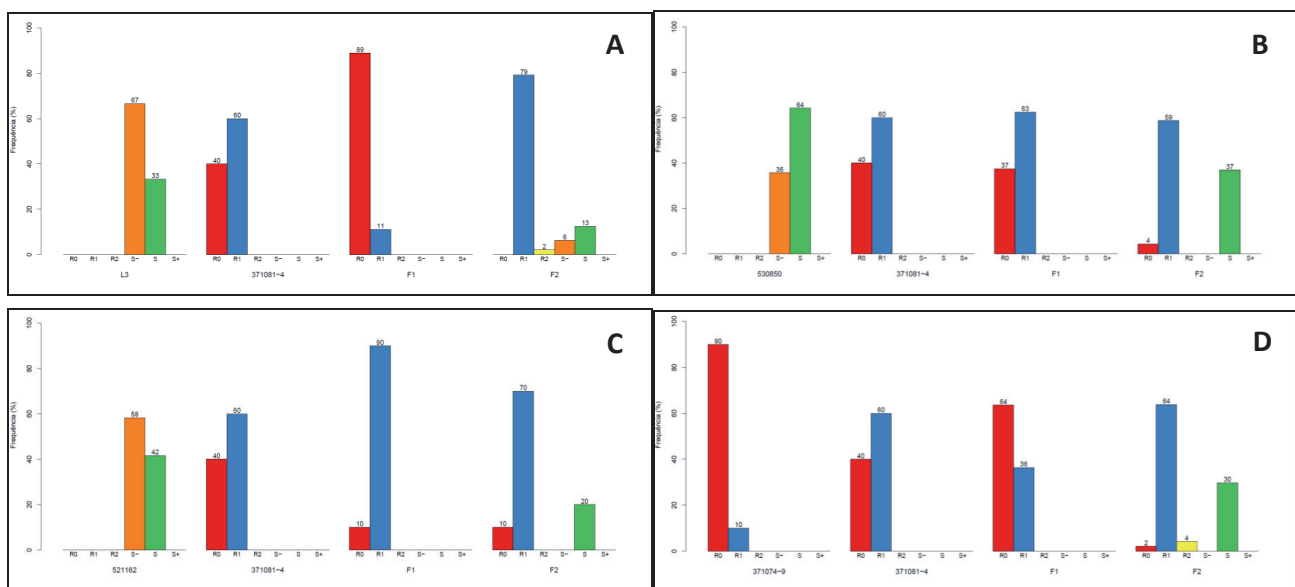
F <sub>2</sub>	Genitor 1	Genitor 2	Probabilidades							
			Resistente	Suscetível	R0	R1	R2	S-	S	S+
5110658	L3	371081-4	0,81	0,19	0,00	0,79	0,02	0,06	0,13	0,00
5110699	530850	371081-4	0,63	0,37	0,04	0,59	0,00	0,00	0,37	0,00
5110704	521162	371081-4	0,80	0,20	0,10	0,70	0,00	0,00	0,20	0,00
5110731	371074-9	371081-4	0,70	0,30	0,02	0,64	0,04	0,00	0,30	0,00
5110742	371056-1	371081-4	0,33	0,67	0,07	0,18	0,09	0,02	0,64	0,00
5110759	371081-4	531542	0,66	0,34	0,11	0,36	0,19	0,00	0,32	0,02
5110762	371081-4	371056-1	0,48	0,52	0,21	0,10	0,17	0,00	0,52	0,00
5110804	371087-3	5702816	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,98	0,00
5110808	371087-3	371056-1	0,04	0,96	0,00	0,00	0,04	0,26	0,70	0,00
5110819	371080-4	228-3	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,21	0,79	0,00
5110830	371066-6	228-3	0,12	0,88	0,00	0,00	0,12	0,18	0,67	0,02
5110858	371056-1	521236	0,10	0,90	0,00	0,00	0,10	0,44	0,46	0,00

## Seleção de População Biparental Base para Desenvolvimento de População de Mapeamento para Resistência

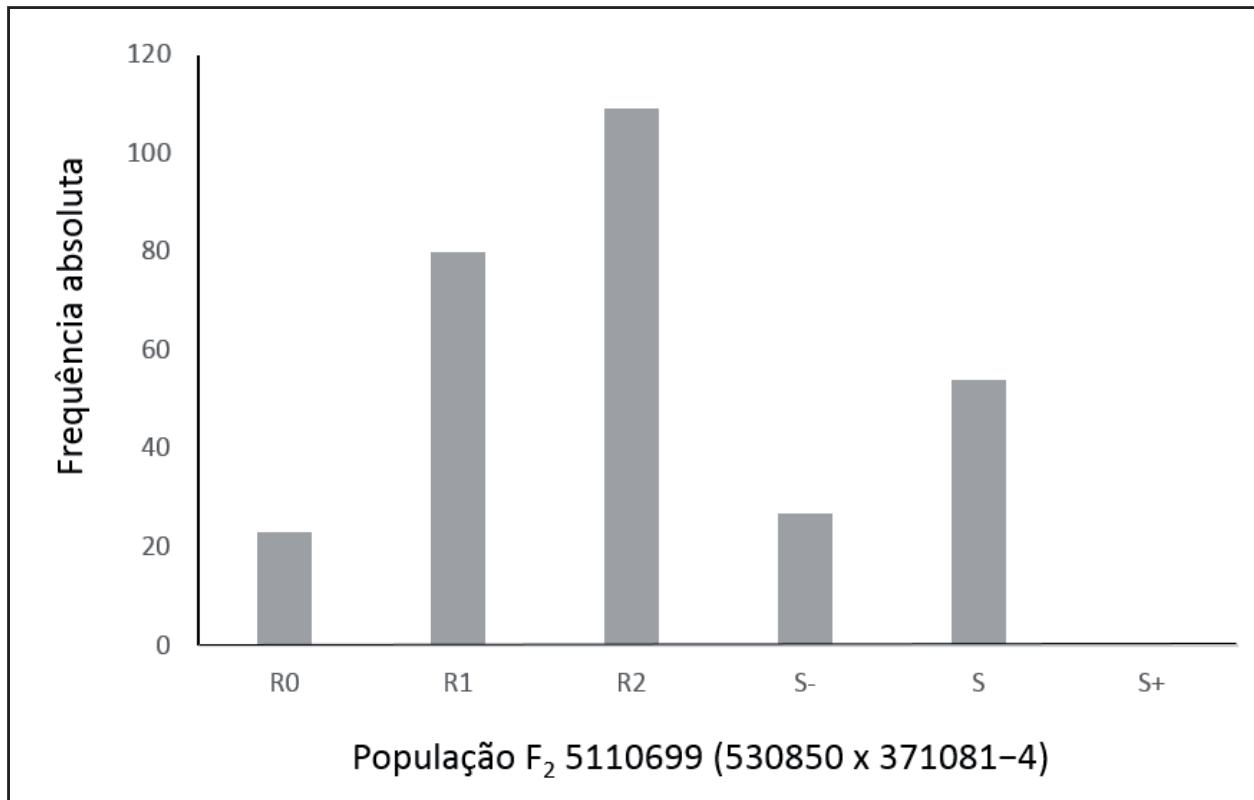
Para a escolha de uma população  $F_2$  ideal, os seguintes parâmetros foram seguidos: 1) presença de distribuição de classes de reação mais próxima de uma distribuição normal, 2) pais contrastantes e 3) geração  $F_1$  mais resistente.

A partir dos resultados obtidos (Tabelas 1 e 2), foram identificadas as quatro populações  $F_2$  que apresentaram menor média para a reação à doença, ou seja, populações que apresentaram maior frequência de indivíduos resistentes à ferrugem-polissora (5110658, 5110699, 5110704 e 5110731), todas obtidas a partir do cruzamento entre genitores contrastantes, suscetível e resistente (Figura 2).

Com base nos dados apresentados, a população 5110704 (521162 x 371081-4) foi escolhida, sendo então novamente avaliada com um maior número de plantas, confirmando a distribuição de classes mais próxima da distribuição normal, o que condiz com uma resistência de base poligênica (Figura 3). Acredita-se que esse tipo de resistência possa apresentar maior durabilidade para patógenos de alta adaptabilidade, como é o caso da ferrugem-polissora.



**Figura 2.** Frequência (%) das classes de reação à ferrugem-polissora em quatro populações  $F_2$  e seus respectivos genitores e geração  $F_1$ : A) População 5110658 (L3 x 371081-4); B) População 5110699 (530850 x 371081-4); C) População 5110704 (521162 x 371081-4); D) População 5110731 (371074-9 x 371081-4).



**Figura 3.** Frequência (%) das classes de reação à ferrugem-polissora na população  $F_2$  5110699 (530850 x 371081-4), demonstrando distribuição próxima à normal das classes avaliadas, indicando controle poligênico da resistência. Foram avaliadas 293 plantas  $F_2$ .

## Conclusão

Pela dificuldade de obtenção de cultivares resistentes e por tratar-se de um patógeno adaptado às condições brasileiras e extremamente agressivo à cultura do milho, é importante manter-se um trabalho contínuo de identificação e introgressão de novos genes de resistência no germoplasma de milho. Assim, o presente trabalho visou a identificação de fontes de resistência e o desenvolvimento de gerações e populações segregantes adequadas para estudos futuros de herança da resistência à ferrugem-polissora e para mapeamento de QTLs associados à resistência à doença. Uma população  $F_2$ , 5110704 (521162 x 371081-4) foi escolhida para o desenvolvimento do trabalho de mapeamento, por apresentar progênie segregante para resistência, com características de natureza poligênica. Além da população  $F_2$ ,

retrocruzamentos com os parentais ( $RC_1$  e  $RC_2$ ) foram também desenvolvidos a fim de realizar futuramente estudo de herança da base genética para resistência à ferrugem-polissora em milho, além do desenvolvimento de progênies  $F_{2,3}$  para obtenção dos dados fenotípicos a serem utilizados no mapeamento de QTLs.

Esses novos estudos permitirão o melhor entendimento do tipo de resistência apresentada no germoplasma disponível no programa de melhoramento da Embrapa, bem como a identificação de QTLs associados à resistência à doença, para que cultivares de milho com níveis mais elevados de resistência à ferrugem-polissora sejam mais facilmente obtidos.

## Referências

- BREWBAKER, J. L.; KIM, S. K.; SO, Y. S.; LOGROÑO, M.; MOON, H. G.; MING, R.; LU, X. W.; JOSUE, A. D. General resistance in maize to southern rust (*Puccinia polysora* Underw.). **Crop Science**, Madison, v. 51, p. 1393-1409, 2011.
- CHEN, C. X.; WANG, Z. L.; YANG, D. E.; YE, C. J.; ZHAO, Y. B.; JIN, D. M.; WENG, M. L.; WANG, B. Molecular tagging and genetic mapping of the disease resistance gene *RppQ* to southern corn rust. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 108, p. 945-950, 2004.
- COSTA, R. V. da; SILVA, D. D. da; COTA, L. V. **Efeito protetor de fungicidas no controle da ferrugem Polissora (*Puccinia polysora*) do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013. 22 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 81).
- COSTA, R. V. da; COTA, L. V.; SILVA, D. D. da; PARREIRA, D. F.; ROCHA, I. M. P. da; GUIMARAES, L. J. M.; GUIMARAES, P. E.; PARENTONI, S. N.; MACHADO, J. R. de A. **Epidemias severas da Ferrugem Polissora do milho na Região Sul do Brasil na safra 2009/2010**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010. 6 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular Técnica, 138).
- HULBERT S. H.; BENNETZEN J. L. Recombination at the *Rp1* locus of maize. **Molecular and General Genetics**, New York, v. 226, p. 377-382, 1991.
- JINES, M. P.; BALINT-KURTI, P.; ROBERTSON-HOYT, L. A.; MOLNAR, T.; HOLLAND, J. B.; GOODMAN, M.M. Mapping resistance to Southern rust in a tropical by temperate maize recombinant inbred topcross population. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 114, p. 659-667, 2007.
- MELCHING, J. S. Corn rust: types, races, and destructive potential. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 30., 1975, Chicago. **Proceedings...** Washington: ASTA, 1975. p. 90-115. (ASTA. Publication, 30).
- STOREY, H. H.; HOWLAND, A. K. Resistance in maize to the tropical American rust fungus, *Puccinia polysora* Underw., I. Genes *Rpp1* and *Rpp2*. **Heredity**, v. Edinburgh, v. 11, p. 289-301, 1957.
- ULLSTRUP, A. J. Inheritance and linkage of a gene determining resistance in maize to an American race of *Puccinia polysora*. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 55, p. 425-428, 1965.
- WU, X.; LI, N.; ZHAO, P.; HE, Y.; WANG, S. **Geographic and genetic identification of RppS, a novel locus conferring broad resistance to southern corn rust disease in China**. **Euphytica**, Wageningen, v. 205, n. 1, p. 17-23, 2015.
- ZHANG, Y.; XU, L.; ZHANG, D.; DAI, J.; WANG, S. Mapping of southern corn rust-resistant genes in the W2D inbred line of maize (*Zea mays* L.). **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 25, n. 3, p. 433-439, 2010.
- ZHAO, P.; ZHANG, G.; WU, X.; LI, N.; SHI, D.; ZHANG, D.; JI, C.; XU, M.; WANG, S. Fine Mapping of *RppP25*, a Southern Rust Resistance Gene in Maize. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 55, n. 5, p. 462-472, 2013.
- ZHOU, C. J.; CHEN, C. X.; CAO, P. X. Characterization and fine mapping of *RppQ*, a resistance gene to southern corn rust in maize. **Molecular Genetics and Genomics**, Berlin, v. 278, p. 723-728, 2007.

## Literatura Recomendada

HOLLAND, J. B.; UHR, D. V.; JEFFERS, D.; GOODMAN, M. M. Inheritance of resistance to southern corn rust in tropical-by-corn-belt maize populations. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 96, p. 232-241, 1998.

LIU, B. H. **Statistical genomics: linkage, mapping and QTL analysis**. Boca Raton: CRC Press, 1998. 611 p.

SCOTT, G. E.; KING, S. B.; ARMOUR, J. W. J. Inheritance of resistance to southern corn rust in maize *Zea mays* Populations. **Crop Science**, Madison, v. 24, p. 265-267, 1984.

### Circular Técnica, 212

Exemplares desta edição podem ser adquiridos na:  
**Embrapa Milho e Sorgo**  
**Endereço:** Rod. MG 424 km 45 Caixa Postal 151  
CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG  
**Fone:** (31) 3027 1100  
**Fax:** (31) 3027 1188  
[www.embrapa.br/fale-conosco](http://www.embrapa.br/fale-conosco)  
**1ª edição**  
**Versão Eletrônica (2015)**

Ministério da  
Agricultura, Pecuária  
e Abastecimento



### Comitê de publicações

**Presidente:** Presidente: Sidney Netto Parentoni.  
**Secretário-Executivo:** *Elena Charlotte Landau.*  
**Membros:** *Antonio Cláudio da Silva Barros, Cynthia Maria Borges Damasceno, Maria Lúcia Ferreira Simeone, Monica Matoso Campanha, Roberto dos Santos Trindade e Rosângela Lacerda de Castro.*

### Expediente

**Revisão de texto:** *Antonio Cláudio da Silva Barros.*  
**Normalização bibliográfica:** *Rosângela Lacerda de Castro.*  
**Tratamento das ilustrações:** *Tânia Mara A. Barbosa.*  
**Editoração eletrônica:** *Tânia Mara A. Barbosa.*