



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Andressa Hilha Dias

**DIVERSIDADE GENÉTICA E FENOTÍPICA DA INTERAÇÃO ENTRE
VIDEIRA E A PODRIDÃO DA UVA MADURA**

Florianópolis
2025

Andressa Hilha Dias

**Diversidade genética e fenotípica da interação Videira e a Podridão da uva
madura**

Defesa de doutorado apresentado ao Programa de
Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais
(RGV) do Centro de Ciências Agrárias da
Universidade Federal de Santa Catarina.
Orientador: Prof. Dr. Rubens Onofre Nodari
Linha de pesquisa: Genética e Melhoramento de
Plantas

Florianópolis
2025

Ficha catalográfica gerada por meio de sistema automatizado gerenciado pela BU/UFSC.
Dados inseridos pelo próprio autor.

Dias, Andressa Hilha
DIVERSIDADE GENÉTICA E FENOTÍPICA DA INTERAÇÃO ENTRE
VIDEIRA E A PODRIDÃO DA UVA MADURA / Andressa Hilha Dias ;
orientador, Rubens Onofre Nodari, 2025.
271 p.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Santa
Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós
Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Florianópolis,
2025.

Inclui referências.

1. Recursos Genéticos Vegetais. 2. Podridão da uva
madura. 3. filogenia molecular. 4. resistência genética.
5. variedades de videira. I. Nodari, Rubens Onofre. II.
Universidade Federal de Santa Catarina. Programa de Pós
Graduação em Recursos Genéticos Vegetais. III. Título.

Andressa Hilha Dias

**DIVERSIDADE GENÉTICA E FENOTÍPICA DA INTERAÇÃO ENTRE
VIDEIRA E A PODRIDÃO DA UVA MADURA**

O presente trabalho em nível de Doutorado foi avaliado e aprovado, em 28 de março de 2025, pela banca examinadora composta pelos seguintes membros:

Prof. Rubens Onofre Nodari, Dr.

Universidade Federal de Santa Catarina – CCA/UFSC (Presidente/Orientador)

Prof. Leocir José Welter, Dr.

Universidade Federal de Santa Catarina – CCR/Curitibanos

Prof. Marcel Bellato Spósito, Dr.

Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz - ESALQ - Piracicaba

Dr. André Kulkamp de Souza

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina –
EPAGRI/Videira

Certificamos que esta é a **versão original e final** do trabalho de conclusão que foi julgado adequado para obtenção do título de Doutora em Ciências pelo Programa de Pós-Graduação em recursos Genéticos Vegetais



Documento assinado digitalmente

Valdir Marcos Stefenon

Data: 24/07/2025 20:22:01-0300

CPF: ***.138.149-**

Verifique as assinaturas em <https://v.ufsc.br>

Prof. Valdir Stefenon, Dr.

Coordenação do Programa de Pós-Graduação



Documento assinado digitalmente

Rubens Onofre Nodari

Data: 24/07/2025 20:23:34-0300

CPF: ***.811.620-**

Verifique as assinaturas em <https://v.ufsc.br>

Prof. Rubens Onofre Nodari, Dr.

Orientador

Florianópolis, 2025

“Hardships often prepare ordinary people for an extraordinary destiny.”

— *The Voyage of the Dawn Treader*, filme, roteiro de Christopher Markus, Stephen
McFeely e Michael Petroni, 2010.

AGRADECIMENTOS

A conclusão desta tese representa o encerramento de uma etapa importante, mas, acima de tudo, simboliza o esforço coletivo de muitas pessoas. A pesquisa não se faz sozinha, e esta jornada só foi possível graças ao apoio, incentivo e colaboração de familiares, amigos, colegas e instituições.

Agradeço, primeiramente, à minha família, especialmente aos meus pais, Lurdete Hilha e Luiz Alles Pereira, por todo o suporte incondicional e por sempre incentivarem minha busca pelo conhecimento. Seu amor e ensinamentos foram fundamentais para que eu chegasse até aqui.

Aos meus amigos João Henrique Costa, Sinara Denardi, Marlo Hanauer, Juliano Trentin e Jonathan Fucks, minha gratidão pelo apoio inabalável, por acreditarem em mim e por estarem ao meu lado nos momentos mais desafiadores.

Ao meu companheiro de vida, Leandro Ferreira Jr., por seu incansável apoio, paciência e por nunca medir esforços para me ajudar. Aos meus afilhados — Maria Helena R., Isabela R., Lorenzo R., Marjurie H. e Isabella H. — que chegaram em um momento tão significativo da minha vida e trouxeram ainda mais alegria ao meu caminho.

Ao Carlos Eduardo e à Laís Cristina, minha segunda família, pelo carinho, pelas palavras de incentivo e pelo privilégio de tê-los comigo nesta caminhada.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Rubens Onofre Nodari, minha mais sincera gratidão por acreditar no meu potencial, por sua presença constante, confiança, ensinamentos e conselhos ao longo desses anos. Obrigada, sobretudo, por não desistir de mim.

Aos meus estagiários, amigos e parceiros de laboratório — Claudio Lemes, Renata Ferreira Medeiros, Francesco Bianchini Orlandi, Jonathan Eduardo Giehl Mueller, Nina Costa de Brito Barbosa Alves, Isabela Martins Ghizoni e Marceli Raquel Burin — que compartilharam comigo essa intensa jornada: obrigada por cada momento, por cada colaboração e, principalmente, por nunca soltarem a minha mão. Sem dúvida, vocês foram uma das minhas melhores escolhas ao longo deste percurso.

Agradeço também a Lenon Modesto e Daniel Steinner pelo apoio e orientação no início do meu doutorado, que foram fundamentais tanto para o início das minhas atividades quanto para o meu desenvolvimento inicial no laboratório.

A todos que, de alguma forma, contribuíram com este trabalho — seja com auxílio em análises estatísticas, avaliações laboratoriais ou apoio emocional — minha gratidão: Edenilson Meyer, Anna Flavia Neri, Mari Niero, Leonardo Giovanetti, Dalvan Beise, Suellen Guterres, Tainara Gris, Eliana Medeiros e Márcia Faita.

À Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), ao Centro de Ciências Agrárias (CCA) e a todos os seus servidores, meu reconhecimento e apreço. Ao CNPq e à FAPESC, pelo apoio financeiro e pela concessão da bolsa de estudos, fundamentais para a realização deste trabalho.

À Estação Experimental de Videira (EPAGRI), com destaque ao Dr. André Kulkamp de Souza, Anilton Tadeu Borges de Oliveira, Valdecir Perazolli e toda a equipe técnica, agradeço pelo auxílio em campo e pela valiosa troca de conhecimento.

Ao Núcleo de Estudos da Uva e do Vinho (NEUVIN), grupo do qual tive a honra de fazer parte, minha gratidão pelo aprendizado e pelas amizades construídas ao longo dessa trajetória.

Por fim, agradeço a Deus, por iluminar meus caminhos, fortalecer minha fé e permitir que eu alcançasse cada uma das minhas conquistas.

Muito obrigada!

RESUMO

A podridão da uva madura, causada por diversas espécies de *Colletotrichum*, é uma das principais doenças que afetam a cultura da videira, sobretudo em regiões de clima quente e úmido. Este patógeno compromete diretamente a qualidade das uvas e dos vinhos, sendo considerado um dos principais desafios pelos viticultores, especialmente quando a colheita é antecipada ou postergada visando evitar ou minimizar os danos da doença. A utilização de fungicidas tem se mostrado ineficiente a longo prazo, em razão da crescente resistência dos patógenos e das restrições aos insumos químicos nos sistemas produtivos. Nesse contexto, torna-se imprescindível o investimento em pesquisas básicas e em programas de melhoramento genético voltados ao desenvolvimento de variedades que aliem resistência às doenças e qualidade enológica. A presente tese teve como objetivo geral identificar e analisar as espécies de *Colletotrichum* spp. associadas à podridão da uva madura, bem como caracterizar os cachos e as bagas de diferentes genótipos de videira e suas respostas fisiológicas e morfológicas frente à infecção. Foram realizados ensaios de campo em três localidades de Santa Catarina (Curitibanos, Videira e São Joaquim) ao longo de três safras consecutivas (2018/2019 a 2020/2021), com 15 cultivares e 6 seleções avançadas. Adicionalmente, foram coletados 327 isolados de *Colletotrichum* em 15 municípios de SC e em áreas do RS e PR. Esses isolados foram identificados por características morfológicas e por análise filogenética (ML) com sequências concatenadas de múltiplos marcadores, revelando que a diversidade genética está vinculada aos agrupamentos nos complexos *acutatum* e *gloeosporioides*, com suporte robusto de bootstrap. Ensaio adicionais avaliaram o crescimento micelial in vitro, a firmeza e resistência mecânica das bagas, a espessura da casca, as propriedades morfoanatômicas da epiderme e da cera, e a concentração de antocianinas e polifenóis. Análises estatísticas (modelo BLUP e regressão polinomial) revelaram correlação positiva entre peso dos cachos e severidade da doença, e tendência à maior resistência em variedades com maior acidez e resistência à ruptura da casca. Também foi evidenciado que variedades como Regent e Prior acumulam altos níveis de polifenóis como resposta à infecção, enquanto outras, como Bronner e Felicia, apresentam resistência por mecanismos morfofísicos. Os resultados demonstram a existência de variabilidade genética inter-específica e fenotípica nos agentes causadores da podridão da uva madura e fornecem subsídios valiosos para programas de manejo da doença e melhoramento de videiras adaptadas às condições brasileiras. A integração de dados moleculares, fisiológicos e anatômicos permitiu avanços significativos na compreensão da interação planta-patógeno e contribui para o desenvolvimento de uma vitivinicultura mais sustentável e tecnicamente eficiente.

Palavras-chave: Podridão da uva madura, resistência genética, variedades de videira, morfofisiologia da baga, filogenia molecular.

ABSTRACT

Grape ripe rot, caused by various species of *Colletotrichum*, is one of the main diseases affecting grapevine cultivation, especially in warm and humid regions. This pathogen directly compromises grape and wine quality and is considered a major concern by growers, particularly when harvest must be anticipated or delayed mitigating disease impact. The use of fungicides has proven to be ineffective in the long term due to increasing pathogen resistance and growing restrictions on chemically intensive production systems because of environmental and human health concerns. Therefore, it is essential to invest in basic research and breeding programs aimed at developing grapevine cultivars that combine disease resistance with high enological quality. The general objective of this thesis was to identify and analyze the species of *Colletotrichum* spp. associated with ripe rot and to characterize cluster and berry traits as well as the genotypic responses of different grapevine genotypes to pathogen infection. Field trials were conducted across three growing seasons (2018/2019 to 2020/2021) in three locations in Santa Catarina (Curitibanos, Videira, and São Joaquim), evaluating 15 cultivars and 6 advanced selections. Additionally, 327 *Colletotrichum* isolates were collected from vineyards in 15 municipalities in SC and from areas in RS and PR. These isolates were identified based on morphological characteristics and phylogenetic analysis (ML) using concatenated multilocus sequences, revealing clear clustering assigned to the *acutatum* and *gloeosporioides* complexes with strong bootstrap support. Additional experiments included in vitro mycelial growth assessment, berry skin firmness and rupture resistance, skin thickness, morpho-anatomical characteristics of the epidermis and wax layer, and the quantification of anthocyanins and polyphenols. Statistical analyses (BLUP model and polynomial regression) showed a positive correlation between cluster weight and disease severity, and a tendency for greater resistance in cultivars with higher acidity and skin resistance. Notably, cultivars like Regent and Prior accumulated high levels of polyphenols in response to infection, while others, such as Bronner and Felicia, appeared to rely on physical or anatomical resistance mechanisms. The results confirm the existence of interspecific genetic and phenotypic variability in causing grape ripe rot and provide valuable data for the disease management and breeding of cultivars adapted to Brazilian conditions. The integration of molecular, physiological, and anatomical data allowed for significant advances in the understanding of plant-pathogen interactions and contributes to the development of a more sustainable and technically efficient viticulture.

Keywords: Grape ripe rot, genetic resistance, grapevine varieties, berry morphophysiology, molecular phylogeny.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	14
2 OBJETIVOS	15
2.1 OBJETIVO GERAL.....	15
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	15
3 ANTECEDENTES E JUSTIFICATIVA.....	16
4 REVISÃO DE LITERATURA.....	18
4.1 VITIVINICULTURA NO BRASIL E EM SANTA CATARINA	18
4.2 COLLETOTRICHUM - UM GÊNERO MULTI-HOSPEDEIRO.....	19
4.3 A PODRIDÃO DA UVA MADURA	20
4.3.1 Identificação de espécies de Colletotrichum que ocorrem nos sintomas da podridão da uva madura	22
4.3.2 Características que favorecem o avanço da podridão da uva madura.....	24
4.4 ANÁLISE DE TEXTURA	25
4.5 MORFO-ANATOMIA.....	27
4.6 ANÁLISE BIOQUÍMICA E POLIFENÓIS	27
4.7 INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE (G X A)	28
CAPÍTULO 1 - AVALIAÇÃO DA PODRIDÃO DA UVA DA MADURA EM GENÓTIPOS DE VIDEIRA NO MOMENTO DA COLHEITA EM TRÊS DIFERENTES AMBIENTES DE SANTA CATARINA.....	43
5.1 INTRODUÇÃO	45
5.2 METODOLOGIA.....	46
5.2.1 Localização dos ensaios a campo	46
5.2.2 Variedades e seleções usadas no presente estudo.....	47
5.2.3 Dados Meteorológicos	48
5.2.4 Avaliação da podridão	48
5.2.4.1 Avaliação da podridão da uva madura no momento da colheita (Colletotrichum spp.).....	48
5.2.5 Delineamento de tratamentos e Análise estatística.....	50
5.3 RESULTADOS	50
5.3.1 Incidência.....	50
5.3.2 Severidade	58
5.3.3 Dados Meteorológicos	67
5.4 DISCUSSÃO.....	70
5.4.1 Incidência, severidade, desenvolvimento e ocorrência de doenças	70
5 CONCLUSÕES	76
REFERÊNCIAS.....	78
CAPÍTULO 2 – IDENTIFICAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE Colletotrichum spp. ISOLADOS DE SINTOMAS DE PODRIDÃO DA UVA MADURA	88
6.1 INTRODUÇÃO.....	90
6.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	92

6.2.1 Coleta de material vegetal com sintomas	92
6.2.2 Variedades e seleções nas quais foram coletadas os isolados de Colletotrichum	93
6.2.3 Isolamento de Colletotrichum spp.	95
6.2.4 Patogenicidade - Postulado de Koch	96
6.2.5 Caracterização morfológica dos isolados de Colletotrichum spp.	97
6.2.5 Caracterização molecular e análise da diversidade genética de isolados colletotrichum spp.	98
Tabela 2 - Iniciadores, temperatura de anelamento e tamanho esperado do amplicon utilizados para classificar taxonomicamente os isolados de bagas com sintomas da uva madura.....	100
6.2.6 ANÁLISE FILOGENÉTICA	101
6.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES	102
6.3.1 Banco de Isolados	102
6.3.2 Caracterização morfológica	103
6.3.2.1 Características culturais da colônia	103
6.3.3 Índice de velocidade de crescimento micelial (IVCM)	106
6.3.4 Análise molecular da Diversidade Genética dos isolados	119
6.4 CONCLUSÕES	130
REFERÊNCIAS.....	132
ANEXOS.....	138
CAPÍTULO 3 – PROPRIEDADES MECÂNICAS DAS BAGA EM GENÓTIPOS DE VIDEIRAS EM DIFERENTES ALTITUDES	170
7.1 INTRODUÇÃO.....	172
7.2 METODOLOGIA.....	173
7.2.1 Localização das coletas a campo	173
7.2.2 Variedades usadas no presente estudo.....	174
7.2.3 Análise física de textura das bagas	175
7.2.3.1 Avaliação de perfuração com sonda cilíndrica (2 mm) – Fsk e Wsk.....	175
7.2.3.2. Avaliação da espessura da casca - SPsk.....	175
7.2.4 Avaliação da Severidade da doença (%)	176
7.2.5 Maturação Tecnológica: Teores de Sólidos Solúveis Totais, Acidez Total Titulável e pH	176
7.2.6 Análises físicas dos cachos.....	176
7.2.7 Dados Climáticos.....	177
7.2.8 Análise estatística	177
7.3 RESULTADOS	178
7.3.1 Dados Meteorológicos.....	178
7.3.2 Avaliação de perfuração com sonda cilíndrica (2 mm)	181
7.3.2.1 Força necessária para a penetração da sonda cilíndrica (2 mm) na baga– Fsk .	181
7.3.2.2 Energia necessária para romper a casca com sonda cilíndrica (2 mm) –Wsk....	182
7.3.2.3 Espessura da epiderme de bagas - Spk	184
7.3.3 Avaliação da severidade da podridão da uva madura (%).....	185

7.3.4	Maturação Tecnológica: Teores de Sólidos Solúveis Totais, Acidez Total Titulável e pH	188
7.3.5	Avaliações físicas	191
7.3.6	Análise de Componentes Principais (PCA).....	194
7.3.7	Categorias de susceptibilidade.....	198
7.4	DISCUSSÃO	200
7.4.1	Textura	200
7.4.2	Características físico-químicas do mosto	201
7.4.3	Associação das características com a severidade da podridão da uva madura	202
7.5	CONCLUSÕES	204
	REFERÊNCIAS.....	205
	CAPÍTULO 4 – Vitis species and varietal resistance of mature berries against inoculation of an isolate of the Acutatum complex that causes grape ripe rot	211
	INTRODUCTION	211
	MATERIALS AND METHODS.....	212
	RESULTS AND DISCUSSION.....	214
	CONCLUSIONS.....	219
	Literature cited	219
	CAPÍTULO 5 – ASSOCIATION OF GRAPE BERRY MORPHO-ANATOMY AND POLYPHENOL CONTENT WITH THE SEVERITY OF GRAPE RIPE ROT	221
8.1	INTRODUCTION	222
8.2	MATERIALS AND METHODS	223
8.2.1	Varieties used in the present study	223
8.2.3	Morphological and Anatomical Analysis	224
8.2.4	Content of Polyphenols	225
8.2.5	Statistical Analysis	226
8.3	RESULTS	226
8.3.1	Pathogenicity	226
8.4.2	Morphological and Anatomical Analysis	227
8.4.3	Total Polyphenols	229
8.4.4	Disease Progression versus Polyphenols.....	230
8.5	DISCUSSION.....	231
8.6	CONCLUSIONS	233
	REFERENCES	235
9	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	249

1 INTRODUÇÃO GERAL

Na maior parte das regiões do sul do Brasil, o clima é pouco adequado ao cultivo de variedades de *Vitis vinifera*, cujas uvas se fazem os vinhos denominados finos. Além de serem diferentes da região de origem e domesticação de *V. vinifera*, que é a Europa, as condições climáticas do sul do Brasil ainda favorecem a ocorrência e a severidade de diversas doenças nessas variedades. Uma destas doenças é a podridão da uva madura, que pode dizimar quase que complementar a produção de uvas para vinhos em anos de alta precipitação e temperatura. Por acontecer em diversas fases da videira (pré, durante e pós-colheita), atualmente ainda não há possibilidade de evitar ou até mesmo minimizar os prejuízos socioeconômicos de grande monta. A podridão da uva tem distintas denominações e distintos agentes causadores da doença têm sido descobertos ao longo dos anos e das pesquisas desenvolvidas.

Visando dispor de variedades com maior resistência a doenças, o melhoramento genético já desenvolveu variedades de *V. vinifera* com alelos de distintas espécies de *Vitis*, transferidas por cruzamentos e retrocruzamentos, que proporcionam resistência parcial às diversas doenças. Assim, dezenas de variedades, denominadas de PIWI, já estão em cultivo em diferentes países e que são parcialmente resistentes a míldio e oídio, enquanto outras variedades também resistentes a outras doenças estão em desenvolvimento. No entanto, apenas a variedade Shuang Hong, mapeada até o presente momento com gene de resistência Cgr1 à podridão da uva madura.

Neste sentido, há ainda lacunas científicas significativas que dificultam o desenvolvimento e uso de estratégias, tanto de melhoramento genético, quanto de práticas de manejo, com relação a podridão da uva madura. É oportuno a identificação morfológica e molecular dos patógenos que ocorrem, a composição química da camada de cera da epiderme da baga, caracterização com microscopia de varredura, a morfologia e a histologia dos sintomas e a diversidade genética dos patógenos presentes no desenvolvimento dos grãos nos quais a podridão ocorre.

Neste contexto, o objetivo é identificar espécies de *Colletotrichum* spp., as características dos cachos, das bagas e as respostas genotípicas diferenciais associadas às distintas reações de genótipos de videira aos patógenos presentes na podridão da uva madura.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Identificar espécies de *Colletotrichum* spp., as características de cachos, das bagas e as respostas fenotípicas e genotípicas diferenciais associadas às distintas reações de genótipos de videira aos patógenos presentes na podridão da uva madura.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Identificar e selecionar variedades ou seleções que apresentem o maior grau de resistência à podridão da uva (Capítulo 1);
- Identificar morfológica e molecularmente, isolados causadores da podridão da uva madura (Capítulo 2);
- Avaliar a magnitude da firmeza da epiderme e a resistência à penetração da бага e sua associação com a podridão da uva madura, causada pela infecção de *Colletotrichum* spp. (Capítulo 3);
- Avaliar a patogenicidade e agressividade com diferentes formas de inoculação do *Colletotrichum acutatum* em bagas de diferentes genótipos de videira (Capítulo 4).
- Avaliar as características morfo-anatômicas das bagas e a concentração de polifenóis nas bagas e a associação com a patogenicidade e agressividade de *Colletotrichum* em distintos genótipos (Capítulo 5);

3 ANTECEDENTES E JUSTIFICATIVA

Nas últimas duas décadas, houve um incremento significativo na produção de vinhos finos e espumantes em Santa Catarina, que está relacionado principalmente às tendências de consumo no Brasil e ao desenvolvimento da atividade nas regiões de altitude de Santa Catarina (EPAGRI, 2015). As previsões baseadas nos efeitos das mudanças climáticas, indicam que a podridão será uma das doenças mais importantes da uva na região sul do Brasil (Bois et al., 2017).

Os viticultores consideram a podridão da uva madura um dos problemas mais importantes, em razão de que a doença afeta diretamente a qualidade do vinho e o uso de fungicidas não se constitui em uma solução satisfatória. A podridão da uva madura causa ainda a produção de sabores desagradáveis na elaboração de vinho, semelhantes ao tabaco (Meunier; Steel, 2009).

A ocorrência de podridões também faz com que os cachos tenham que ser colhidos antes da sua maturação fisiológica. Por isso, a tomada de decisão para colheita é feita com base na sanidade e não na maturação ótima, o que impede a produção de vinhos de maior qualidade, pois o mosto pode ser composto de uvas não completamente maduras ou com podridões (Tonietto, 2003). Portanto, os efeitos tanto da podridão quanto do uso de agrotóxicos são adversos a economicidade dos vinhedos, pois aumentam os custos de produção.

Além disso, o mercado e a sociedade estão exigindo produtos de qualidade biológica e que não tenham impactos adversos à saúde humana e ao meio ambiente (Oirdi, 2024). Atualmente, existe apenas uma variedade com alelos de resistência (Fu et al., 2019).

As variedades de *V. vinifera* mais utilizadas, até o presente momento, não foram mapeadas quanto aos alelos nos genes de resistência à podridão da uva madura, exigindo o uso de agrotóxicos, cujas consequências são adversas à saúde humana e ao meio ambiente.

Considerando os efeitos ecológicos, os limites impostos do uso de fungicidas para o consumo da uva *in natura* ou processada e a grande pressão do mercado consumidor por vinhos de qualidade, notadamente sem resíduos de fungicidas, que possam expressar as características do seu *terroir*, levaram pesquisadores e produtores de todas as regiões vitícolas do mundo a buscar alternativas para o controle dos principais agentes patogênicos da videira via melhoramento genético (Muganu; Paolucci, 2013).

A solução genética já proporcionou variedades parcialmente resistentes a míldio e oídio, denominadas de variedades PIWI, que já são utilizadas na Europa, o que provocou a redução do uso de agroquímicos. A denominação PIWI resultou da junção de duas sílabas da palavra em alemão “Pilzwiederstand”, que significa resistente a doenças fúngicas (<https://piwi->

international.de/en/). Tais variedades são provenientes de programas de melhoramento com base em cruzamentos de variedades de *V. vinifera* com espécies americanas ou asiáticas do mesmo gênero, as quais provêm o(s) gene(s) de resistência. Devido aos inúmeros retrocruzamentos dos F_{1s} com variedades viníferas, elas apresentam mais de 90% do genoma de *V. vinifera*, o que possibilita a produção de vinhos de alta qualidade, sendo aceitas nos catálogos Europeus como variedades viníferas (Sivcev et al., 2010). Dezenas de variedades com alelos de resistência em diferentes genes já diminuíram o ataque de míldio e oídio (<https://piwi-international.org/en/about-piwi/piwi-grapes/>) e são alternativas viáveis e, de fato, podem causar redução no número de aplicações de fungicidas como ocorreu em vários países europeus e, conseqüentemente, diminuir custos de produção (Töpfer et al., 2011).

Estudos adicionais já permitiram identificar a adaptação de variedades PIWI às condições edafoclimáticas da Santa Catarina, a reação a doenças, bem como a qualidade do mosto (Pirrello et al., 2019; Rossarola et al., 2021; Dias et al., 2022, Dias et al., 2023, Hilha et al., 2024). Aquelas que foram consideradas adaptadas (ex: ‘Calardis Blanc’) já estão sendo multiplicadas e seus vinhedos implantados. Da mesma forma, vinhedos com mudas de variedades produzidas pela Vivai Coopertivi Rauscedo (<http://www.vivairauscedo.com/en/product-index/resistant/>) estão sendo implantados no Rio Grande do Sul e nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil.

Portanto, a alternativa ao uso crescente de agrotóxico é o desenvolvimento de cultivares de videira resistentes às principais doenças. Para isso, é necessário identificar características relacionadas à resistência genética à podridão da uva madura, considerada uma estratégia eficiente e ambientalmente adequada.

4 REVISÃO DE LITERATURA

4.1 VITIVINICULTURA NO BRASIL E EM SANTA CATARINA

A videira (*Vitis* sp.) é uma das frutíferas mais produzida em todo o mundo e desempenha importante papel econômico e social (Myles et al., 2011). Em 2022, os vinhedos ocupavam cerca de 7,3 milhões de hectares com uma produção de 80,1 milhões de toneladas de uva em todo o mundo (OIV, 2023). A estimativa da produção de 2022 feita pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) foi de 1,748 milhão de toneladas, um crescimento de 18,7% em relação ao ano de 2020 (IBGE, 2022).

A produção do Rio Grande do Sul foi responsável por 55,9%, enquanto a de Santa Catarina alcançou 3,5% da safra nacional de uvas em 2021. Embora seja possível fazer vinhos de várias espécies de uvas, os vinhos considerados finos são obtidos de variedades da espécie *V. vinifera* por apresentarem maior qualidade para a produção em comparação a outras espécies como *V. labrusca*, conhecida por produzir vinhos de mesa, que normalmente não atingem a acidez e teor de açúcar para a fermentação (Dal Santo et al., 2016).

No Brasil as videiras são cultivadas geralmente em clima quente e úmido não sendo, portanto, ideal para o cultivo de variedades de *V. vinifera*, já que são muito susceptíveis a doenças (Kiss et al., 2016). Assim, todos os anos, podem ocorrer perdas significativas na produção relacionadas ao ataque de doenças, causadas por bactérias, vírus e fungos (Hyde et al., 2009). Para evitar perdas, os viticultores utilizam distintos agrotóxicos durante todo o ciclo (Sônego et al., 2005). No caso do Brasil, em razão do clima, a quantidade chega a ser até três vezes mais do que em países europeus, o que se constitui em importantes riscos à saúde humana, animal e ambiental, comprometendo a sustentabilidade do sistema produtivo (Shimano; Sentelhas, 2013).

A área de produção vitivinícola no Brasil é de aproximadamente de 75.622 hectares no ano de 2022, superior a plantada no ano anterior (IBGE, 2022), grande parte sendo em propriedades com média de dois hectares, consolidando-se como o quinto maior produtor da bebida no hemisfério Sul e, também considerado um dos mercados vitivinícolas que mais rapidamente cresce no mundo (De Mello; Machado, 2019). A vitivinicultura brasileira é encontrada em onze unidades da federação: Rio Grande do Sul, São Paulo, Pernambuco, Paraná, Santa Catarina, Bahia, Minas Gerais, Espírito Santo, Paraíba, Goiás e Distrito Federal, tendo cada estado suas particularidades e formações distintas (EMBRAPA, 2023).

O estado de Santa Catarina possui vinhedos distribuídos em 3.849 ha, produzindo 57.681 t de uvas na safra 2022/23 (EMBRAPA, 2023). A altitude de certas regiões do estado proporciona maior amplitude térmica, com temperaturas noturnas amenas. Essas temperaturas

influenciam no metabolismo da videira, retardam o amadurecimento dos frutos e permitem uma maturação mais completa (Rosier, 2006). Desta maneira, o ciclo se prolonga e possibilita que a colheita ocorra em uma época em que, historicamente, os índices pluviométricos são bem menores que nos meses de vindima de outras regiões tradicionalmente produtoras, permitindo com isso uma maturação com maiores teores de compostos fenólicos (Falcão et al., 2008; Gris et al., 2011).

4.2 COLLETOTRICHUM - UM GÊNERO MULTI-HOSPEDEIRO

Descrito por Corda (1831), o gênero *Colletotrichum*, pertence à família Glomerellaceae (Glomerellales, Sordariomycetes), sendo o único membro desta família (Maharachchikumbura et al., 2016). São organismos complexos, adaptados ao seu hospedeiro (Baroncelli et al., 2017), colonizam uma vasta gama de plantas, obtendo nutrientes como necrotrófico, hemibiotrófico e endofítico, podendo ter o comportamento biotrófico (Hyde et al., 2009; Jayawardena et al., 2016a).

Algumas espécies deste gênero são utilizadas como modelos hemibiotróficos (O'Connell et al., 2012; Vargas et al., 2012), inicialmente infectam o hospedeiro (breve fase biotrófica), através de hifas intracelulares primárias, infectando sem causar morte, sofrendo uma transição para a fase necrótica (O'Connell et al., 2012). Diversos genes são transcritos sucessivamente na transição biotrófica para necrotrófico do patógeno. Ocorre uma indução dos efetores e enzimas do metabolismo secundário, os quais são induzidos anterior a penetração e durante a fase biotrófica, hidrolases e transportadores são superexpressos na troca das fases (O'Connell et al., 2012).

Espécies desse gênero utilizam diversas estratégias para invadir a parede celular de uma planta e sinais do hospedeiro que são derivados da percepção da pré-invasão, para reprogramar sua expressão gênica e alterar seu ciclo de vida para necrotrófico (O'Connell et al., 2012). Além disso, as espécies de *Colletotrichum* são adaptadas a hospedeiros específicos (O'Connell et al., 2012); no entanto, na maioria da vezes não possuem especificidade (Peres et al., 2008; Phoulivong et al., 2012; de Souza et al., 2013; Sakinah et al., 2014; Bragança et al., 2016), causando doenças na pré e pós-colheita em cultivos tropicais, subtropicais e temperadas (Hyde et al., 2009; Cannon et al., 2012; Dean et al., 2012), sendo em mais de 30 gêneros (Damm et al., 2012; Farr; Rossman, 2017), tais como: goiabeira-serrana (Lopes et al., 2023), goiaba (Bragança et al., 2016), orquídeas (Youliau et al., 2011; Medeiros et al., 2024 in press), camarinha (Almeida et al., 2024 in press), oliveira (Schena et al., 2014), morango (Manamgoda et al., 2013), soja (Rogério et al., 2017), milho (Crouch; Beirn, 2009).

Espécies de *Colletotrichum* isoladas de tecidos assintomáticos de gramíneas (Hyde et al., 2014) foram caracterizadas como endofíticas. Relatos similares já ocorreram com angiospermas, coníferas, samambaias e líquens (Bussaban et al., 2001; Liu et al., 2007; Manamgoda et al., 2013; Tao et al., 2013).

Embora este fungo possua potencial patogênico, é encontrado em tecidos sadios (Pires et al., 2005), demonstrando o comportamento endofítico, patógeno e latente (Liu et al., 2007; Liu et al., 2015). Há também relatos de espécies deste gênero isolado de tecidos mortos, indicando o caráter saprofítico das mesmas (Photita et al., 2005; Jaywardena et al., 2016b). Além disso, há espécies deste gênero que são patogênicas a animais, como em humanos (Shivaprakash et al., 2011; Squissato et al., 2015), insetos (Damm et al., 2012; Mascarin et al., 2016), e em ecossistemas marinhos (Manire et al., 2002; Namikoshi et al., 2002).

A alta diversidade genética, complexidade taxonômica e suas estratégias de sobrevivência, bem como ciclos de vida das espécies do gênero, tornam notáveis suas características (Sharma; Shenoy, 2016) e sua evolução, requerendo várias mudanças taxonômicas (fusão e adição de espécies) à medida que o conhecimento sobre *Colletotrichum* foi avançando (Damm, 2012; Liu et al., 2014; Liu et al., 2015; Liu et al., 2016a; Liu et al., 2016b). Essas mudanças foram ocorrendo devido à falta de caracteres morfológicos, falta de entendimento sobre inespecificidade do hospedeiro (Johnston et al., 2005; Cai et al., 2009).

4.3 A PODRIDÃO DA UVA MADURA

A ocorrência da podridão da uva madura foi relatada pela primeira vez em 1891 nos Estados Unidos. Historicamente, o agente causador da podridão da uva madura em *Vitis rotundifolia* tem sido atribuído a *Glomerella cingulata* (Stonemam) Spauld; Schrenk, o teleomorfo de *Colletotrichum gloeosporioides* (Daykin; Milholland, 1984). Posteriormente, a podridão da uva madura foi atribuída a *C. acutatum* e *C. gloeosporioides* (Kummuang et al., 1996). Tradicionalmente, a identificação de espécies de *Colletotrichum*, foi baseada apenas na forma e tamanho dos conídios, características do apressório, morfologia da colônia, entre outros (Cannon et al., 2013). Mas, estes critérios são variáveis e nem sempre levam a identificação correta, sendo necessário a complementação com técnicas moleculares (Cannon et al., 2013).

Com o uso combinado de morfologia e quatro marcas moleculares foram identificados nos vinhedos comerciais de *V. vinifera* e *V. labrusca*, na Serra Gaúcha, seis espécies de *Colletotrichum*: *C. fructicola*, *C. kahawae* e *C. viniferum* (Complexo *Gloeosporioides*), *C. limitticola*, *C. nymphaeae* (Complexo *Acutatum*) e *C. karstii* (complexo *Boninense*) na podridão da uva madura (Echeverrigaray et al., 2020). Além disso, o fungo secreta uma série de

substâncias prejudiciais à fermentação do mosto e ao desenvolvimento e maturação dos vinhos (Stefanini et al., 2018). Vários estudos documentaram que *C. acutatum* causa infecção nos tecidos da inflorescência, no entanto os sintomas surgem próximo a colheita, mais de três meses após a infecção inicial (Daykin; Milholland, 1984; Steel et al., 2012; Greer et al., 2014).

Em uvas, espécies de *Colletotrichum* mostram-se hemibiotróficas, sendo um comportamento caracterizado como uma fase biotrófica, que evolui para fase necrotrófica em condições adequadas. Durante o seu desenvolvimento, o *Colletotrichum* alcaliniza o tecido hospedeiro pela secreção ativa da amônia (Prusky; Yakoby, 2003), estimulando a compressão formação do apressório (Miyara et al., 2010) e a secreção de patogenicidade, como pectato liase (Drori et al., 2003), cutinase e peptídeos (Villa-Rivera et al., 2017), sendo na fase necrotrófica, que a doença acaba apodrecendo as bagas.

Espécies do gênero *Colletotrichum* podem apresentar nutrição biotrófica ou necrotrófica e desenvolve estruturas especializadas de infecção, tais como: tubos germinativos, apressórios, grampo de penetração, vesículas infecciosas, hifas primárias e secundárias. As etapas de formação destas estruturas são marcadas pela produção de metabólitos específicos, que podem atuar como fatores de patogenicidade. A penetração do tecido é favorecida pela ação de enzimas pectinolíticas, excretadas no tecido do hospedeiro e pela força mecânica exercida pelo apressório no grampo de penetração (Maciel et al., 2010). Os fungos deste gênero, apresentam acérvulos em forma de disco achatado, subepidérmico, com espinhos ou setas, conidióforo simples e alongado, conídios hialinos unicelulares que podem ser ovalados ou oblongos. Os conídios nos acérvulos estão envolvidos por uma matriz gelatinosa constituída de polissacarídeos e proteínas solúveis em água. Essa matriz provavelmente protege os conídios da dissecação e aumenta a eficiência de germinação e penetração no tecido hospedeiro (Menezes, 2006). O desenvolvimento do patógeno é favorecido por temperaturas entre 22 e 25 °C e alta umidade relativa do ar. Para que os esporos germinem, além da elevada temperatura, deve haver disponibilidade de água livre. As temperaturas ótimas de germinação de conídios e formação de apressórios estão entre 22 e 23 °C. Os esporos são liberados dos acérvulos pelos respingos de chuva, meio da disseminação do fungo. Sobre as bagas inicialmente, aparecem manchas marrom avermelhadas, escurecendo posteriormente. Com o avanço, a doença pode causar danos, tais como perdas significativas de rendimento e impacto negativo nos parâmetros de qualidade da uva, bem como do vinho, incluindo alterações na cor, sabor, composição química, aumento no açúcar residual, acidez volátil, glicerol, ácido glucônico e ácido málico (Meunier; Steel, 2009). O fungo sobrevive em frutos mumificados e pedicelos (Meneguzzo et al., 2006).

De acordo com a classificação de Köppen o clima da região do planalto é classificado como Cfb, denominado clima temperado úmido, sem estação seca e com verões amenos (Alvares et al., 2013). Assim, uma condição climática úmida, como a do planalto catarinense, favorece o desenvolvimento da podridão da uva madura. Na região Sul do Brasil, as áreas produtoras de uva apresentam como principal método de controle a pulverização com fungicidas de contato e sistêmicos, os quais requerem várias aplicações causando impactos negativos ao meio ambiente e à saúde humana (Czermainski; Sônego, 2004). Segundo Shimano e Sentelhas (2013), as pulverizações empregadas pelo sistema do calendário são invariavelmente maiores do que o necessário para o controle das doenças, demonstrando falta de racionalização do uso de agrotóxicos para controle de doenças fúngicas em variedades de *V. labrusca*.

4.3.1 Identificação de espécies de *Colletotrichum* que ocorrem nos sintomas da podridão da uva madura

O progresso da biologia molecular ocorrido nas últimas décadas gerou conhecimento e ferramentas importantes para estudos filogenéticos e populacionais, possibilitando a identificação de espécies e caracterização da biodiversidade de diversos ecossistemas. A utilização de marcadores moleculares pode fornecer informação necessária para verificação de relações filogenéticas, estimativa de distâncias genéticas, discriminação de subpopulações e história biogeográfica (Rosa; Paiva, 2009). A região ITS (Internal Transcribed Spacer) é hoje a região de DNA mais amplamente sequenciada em fungos. A comparação de sequências da região ITS 1 do rRNA entre *C. gloeosporioides* e outras espécies do gênero levaram ao desenvolvimento de oligonucleotídeos (iniciadores), taxon-específicos para a diferenciação entre *C. gloeosporioides* e *C. acutatum* pela reação da polimerase em cadeia (PCR).

Além do uso das regiões ITS para a discriminação de espécies do gênero *Colletotrichum*, regiões como a Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (GPDH) têm sido também utilizadas neste tipo de estudo e distinção dos complexos estudados (Peres et al., 2004). O gene calmodulin também tem sido amplificado e utilizado na identificação de espécies do gênero *Colletotrichum* (O'Donnell, 2000). Essas três regiões estão entre as mais indicadas para a caracterização molecular de fungos fitopatogênicos.

As filogenias multilocos são normalmente utilizadas para descrever novas espécies de *Colletotrichum* e a tendência é incluir mais e mais sequências nas análises. Pode-se concluir que a análise filogenética é fortemente correlacionada com o número de caracteres (neste caso pares de base) incluídos na análise (Adanson, 1763), mas os genes são diferenciais em

diferentes posições. A inclusão de múltiplos genes em posições semelhantes na filogenia podem aumentar o tamanho (sem mencionar o custo) do conjunto de dados sem esclarecer o sinal filogenético. Isto é altamente relevante para o diagnóstico de espécies (Cannon et al., 2012). Esses autores afirmam, com base em estudos preliminares sobre *Colletotrichum* que, em algumas circunstâncias, o aumento do número de *locus* pode diminuir o desempenho da análise filogenética. Em geral, as diversas metodologias moleculares desenvolvidas têm contribuído significativamente para um grande avanço do conhecimento sobre a variabilidade genética de microrganismos.

Um dos primeiros estudos a descrever espécies de *Colletotrichum* incorporando análise de DNA e sistemática filogenética foi o de Hyde et al. (2009); os autores listaram 66 espécies de *Colletotrichum* que são comumente utilizados e 19 espécies que eram consideradas duvidosas. Já em 2012, Cannon et al. (2012), também com identificação de espécies, usando análise multilocus, avaliaram 119 espécies de *Colletotrichum* e obtiveram 9 grandes clados e vários outros pequenos grupos de espécies isoladas. Outros estudos focaram na epitipificação, identificando as variações morfológicas e moleculares de *Colletotrichum* em todo o mundo (Weir et al., 2012; Damm et al., 2012; Cannon et al., 2012; Peng et al. 2012; Doyle et al., 2013; Gunjan et al., 2013; Hyde et al., 2014).

Colletotrichum spp. são patógenos amplamente distribuídos que causam doenças em vários hospedeiros (Hyde et al., 2009). A reclassificação do *Colletotrichum* por meio de metodologias morfológicas e moleculares (Damm et al., 2012, Weir et al., 2021) e organizadas em complexo, definiu que novas espécies causavam a *Glomerella Cingulata*, sendo elas *C. fruticula*, pertencente ao complexo *Colletotrichum gloeosporioides*, *C. Karstii*, pertencente ao complexo *Colletotrichum Boninense* (Velho et al., 2015). Devido ao curto período de incubação da *Glomerella*, seu rápido avanço em novas áreas, sua ocorrência em cultivares previamente relatadas como resistentes e a ocorrência de um grande número de novas espécies de *Colletotrichum*, é importante entender que ocorre nas regiões produtoras brasileiras.

Diante deste contexto, é fundamental conhecer as espécies de *Colletotrichum* que prevalecem em cada região produtora, pois existem diferenças significativas nas condições ótimas para cada espécie do patógeno. Consequentemente, nas adaptações nas diferentes condições de cultivo. Independentemente do patossistema, é importante compreender e caracterizar a doença e seus agentes causais para um diagnóstico adequado a fim de aplicar estratégias apropriadas (Freeman et al., 1998, Sutton, 1992).

4.3.2 Características que favorecem o avanço da podridão da uva madura

A podridão da uva madura, é favorecida por altas temperaturas e umidade, representando uma ameaça significativa à viticultura (Leles et al., 2022; Dambros et al., 2016). Condições que promovem o desenvolvimento da doença incluem alta concentração de inóculo, períodos prolongados de umidade e temperaturas em torno de 25°C (Dambros et al., 2016). Diversas estratégias de manejo têm sido estudadas para controlar essa doença. A aplicação foliar de silício mostrou-se eficaz na redução da incidência da doença e no aumento da firmeza da polpa (Costa et al., 2024), bem como na melhoria da qualidade dos frutos. Aplicações de fungicidas durante estágios fenológicos específicos, particularmente no final da floração, bagas do tamanho de ervilhas e amadurecimento, têm demonstrado eficácia na redução da incidência de doenças em uvas 'Niágara Rosada' (Leles et al., 2022). Assim, o uso de fungicidas em estádios fenológicos específicos, como florescimento e amadurecimento, também demonstrou eficácia (Leles et al., 2022). Além disso, tratamentos alternativos como a radiação UV-C e fosfitos apresentaram resultados promissores no controle pós-colheita do patógeno, sem afetar significativamente as características físico-químicas das uvas (Cia et al., 2009; Dambros et al., 2016).

Além disso, descobriu-se que o uso de coberturas plásticas sobre as fileiras de videiras cria condições microclimáticas desfavoráveis para doenças fúngicas, particularmente as podridões de cachos, ao mesmo tempo em que reduz potencialmente a necessidade de fungicidas (Chavarria et al., 2009). Essas diversas abordagens oferecem estratégias promissoras para o manejo da podridão da uva madura em diferentes sistemas de cultivo.

As espécies de *Colletotrichum* são patógenos fúngicos hemibiotróficos que causam danos significativos às plantações por meio de um processo de infecção em dois estágios: biotrófico e necrotrófico (Villa-Rivera et al., 2017). A infecção começa com o reconhecimento de compostos da superfície da planta, seguido pela ativação do gene para germinação de conídios e formação de apressórios (Rodriguez López et al., 2009).

Durante a fase biotrófica, o fungo desenvolve grandes hifas primárias multilobadas restritas às células inicialmente infectadas (Latunde-dada; Lucas, 2007). Esta fase é caracterizada pela regulação positiva de genes que codificam pequenas proteínas secretadas e síntese de metabólitos secundários (Gan et al., 2013). A fase necrotrófica subsequente envolve a produção de hifas secundárias estreitas que invadem os tecidos circundantes, causando lesões visíveis (Latunde-dada; Lucas, 2007). Este estágio é marcado pelo aumento da expressão de genes que codificam enzimas degradativas (Gan et al., 2013). Análises genômicas comparativas revelaram famílias de genes expandidas potencialmente associadas à patogenicidade, incluindo

aquelas que codificam pequenas proteínas secretadas, síntese de metabólitos secundários, proteases e enzimas de degradação de carboidratos (Gan et al., 2013).

4.4 ANÁLISE DE TEXTURA

A análise de textura é uma técnica analítica de levantamento para definição de controle das propriedades físicas dos alimentos (Bourne, 2002), muito utilizada no setor alimentício (Sato; Yamada, 2003). O primeiro estudo de análise de textura foi realizado em uvas de mesa (Bernsteins; Lustig, 1981).

Existem poucos estudos com análise de textura em uvas viníferas; além disso, os referidos estudos são voltados para espessura, dureza da epiderme e grau de amadurecimento da baga. Esses dados qualitativos são fundamentais para o enólogo durante o planejamento dos processos de prensagem e maceração. As pesquisas existentes são voltadas para modificações mecânicas, como a evolução da dureza durante o amadurecimento (Liang et al., 1990; Abbal et al., 1992; Ruiz Hernandez, 1996; Robin et al., 1996; Robin et al., 1997; Rolle et al., 2012).

No caso da videira, a literatura contém inúmeras contribuições científicas que analisaram as modificações de algumas propriedades texturais da uva. Muitos desses estudos focaram em variedades de mesa (Bernstein; Lustig, 1981), tendo como principais parâmetros tratados a compacidade da polpa e a consistência da epiderme da baga, uma vez que estão relacionadas com a aceitação do produto pelo cliente. É relevante mencionar também que as propriedades mecânicas da uva podem influenciar o processo de vinificação, embora pouca atenção tenha sido dada à análise da textura da uva (Sato; Yamada, 2003).

As avaliações que envolvem maturação tecnológica, por medições de açúcares e ácidos, não preveem completamente as potencialidades enológicas (Failla et al., 2005). Estudos que envolvem a caracterização das substâncias fenólicas (Moutounet et al., 1996; Saint-Criq et al., 1998; Cheyneir, 2001; Borsa et al., 2002; Gerbi et al., 2003) e sua evolução durante o amadurecimento (maturação fenólica) destacaram importantes índices de qualidade da uva (Glories; Augustin, 1993; Venencie et al., 1997; Saint-Criq et al., 1998; Cayla et al., 2002; Crespy, 2002; Mattivi et al., 2002; Cagnasso et al., 2003). A análise sensorial também é um dos métodos utilizados para avaliar a maturação da uva (Rousseau; Delteil, 2000; Rosseau, 2001; Martinez, 2002).

Durante o desenvolvimento vegetativo da uva até a fecundação para o amadurecimento, a espessura da película varia constantemente (Coombe; McCarthy, 2000). O sistema dérmico da uva, chamado de epiderme ou exocarpo da baga, representa entre 5 e 18% do peso fresco da uva madura, isso varia com a espessura e tamanho da casca (Ojeda et al., 2002). Essa casca é

composta pela epiderme, recoberta por uma cutícula que contém cera e hipoderme externa (Considini; Knox, 1979). Após a frutificação até a *véraison*, as células se expandem, aumentando em 15% a epiderme e 33% no sentido tangencial. Após a virada de cor, as células do mesocarpo continuam a se expandir, as células hipodérmicas e epidérmicas perdem tamanho, agindo inversamente comparado às células do mesocarpo (Schlosser et al., 2008). Sendo assim, a casca torna-se mais fina na baga durante o amadurecimento (Keller, 2010).

Como as células da epiderme e da hipoderme contêm cloroplastos e vacúolos ricos em fenólicos (Keller, 2010), às propriedades da casca da baga, como a força de quebra e a espessura, podem auxiliar na avaliação do conteúdo fenólico durante o amadurecimento, representando um indicador útil para prever a extratabilidade de antocianinas, pois epidermes mais finas podem ser caracterizadas por uma maior extratabilidade de antocianinas (Segade et al., 2011). Assim, a espessura da epiderme pode ser útil para apoiar várias tomadas de decisões como a escolha da provável data de colheita, bem como os processos de maceração, vinificação, explorando melhor o potencial da uva. Além disso, a espessura pode estar associada ao grau susceptibilidade a doenças fúngicas.

A análise de textura de bagas de uva é uma ferramenta valiosa para avaliar a qualidade tanto em uvas de mesa quanto em uvas para vinho. Ela fornece *insights* sobre propriedades mecânicas relacionadas à aceitabilidade do consumidor e à extratabilidade de antocianina (Rolle et al., 2012). A avaliação sensorial usando análise descritiva quantitativa tem sido empregada para avaliar atributos como cor, firmeza e sabor em variedades de uva de mesa (Mascarenhas et al., 2013).

O bagaço de uva, um subproduto da produção de vinho e suco, tem aplicações potenciais na indústria alimentícia devido à sua composição nutricional e atividade antioxidante (de Moura Brasil, 2016). Métodos de amostragem adequados são cruciais para determinar com precisão a maturidade da uva. Um estudo sobre uvas Niágara Rosada comparou métodos de amostragem aleatória estratificada e simples, recomendando tamanhos de amostra de aproximadamente 30 e 27 bagas por área, respectivamente, para avaliar o teor de sólidos solúveis (Araújo et al., 2009). Esses estudos contribuem coletivamente para nossa compreensão da avaliação da qualidade da uva e utilização de subprodutos da uva.

4.5 MORFO-ANATOMIA

A parede celular exerce a função de fornecer resistência mecânica e estruturação da célula. As paredes possuem microfibrilas de celulose e estão envoltas em uma matriz amorfa

que consiste predominantemente de polissacarídeos e material proteico (Nunan et al., 1997; Somerville et al., 2004).

As plantas possuem diversos mecanismos de defesa e proteção contra estresse bióticos e abióticos, um deles é a cutícula que cobre a parede celular externa das células epidérmicas, formada principalmente pela cutina, um polímero de ésteres de ácidos graxos hidroxi. Associada a essa camada está externamente a cera (Chambers; Possingham, 1963; Rosenquist; Morrison, 1989).

A camada de cera é hidrofóbica e possui uma série de plaquetas de cera sobrepostas; o tamanho e a complexidade das plaquetas diferem entre espécies, partes da planta e do estágio de maturação (Chambers; Possingham, 1963). Essa camada também protege contra a adesão e a entrada de patógenos, como os fungos, influenciando a interação patógeno-hospedeiro, fator contribuinte da resistência da planta contra o patógeno (Mendgen et al., 1996). As ceras podem ser intracuticulares, quando incorporadas à camada de cutina, e epicuticulares, quando externamente à camada da cutícula (Rustioni et al., 2012).

4.6 ANÁLISE BIOQUÍMICA E POLIFENÓIS

Os mecanismos de defesa podem ser mecanismos bioquímicos, pré-formados ou formados a partir de sinais após a infecção (Amorim et al., 2011). Os compostos fenólicos, fitoalexinas, liberação de espécies reativas de oxigênio, flavonoides, antocianinas, polifenóis e hormônios como ácido jasmônico, ácido salicílico e etileno, auxiliam na defesa da planta contra patógenos (Nicholson; Hammerschmidt, 1992; Barros et al., 2010; Stangarlin et al., 2011).

A temperatura pode limitar o desenvolvimento da videira; baixas temperaturas podem causar danos, lesões e morte nas plantas. A tolerância ao frio é dependente do estágio fenológico e da cultivar; quando as plantas estão em dormência, suportam até -20°C, enquanto durante o ciclo vegetativo e reprodutivo, a videira resiste de -1 a 1°C na abertura de gemas, até -0,5°C na plena floração, e até -0,5°C quando o fruto é jovem. As altas temperaturas também limitam o cultivo. Temperaturas superiores, oscilando entre 39 a 45°C, observa-se uma redução progressiva nas atividades vitais da planta, e acima destas, as atividades cessam, tornando-se letais às plantas quando atinge 55°C (Jackson; Spurtling, 2001; Giovannini; Manfroí, 2009; Keller, 2010).

Um fator extremamente importante a ser observado é a temperatura no período de maturação. Temperaturas diurnas amenas acarretam maturação mais lenta, favorecendo sua qualidade. Do mesmo modo, noites frias favorecem o acúmulo de polifenóis, especialmente as

antocianinas nas cultivares tintas e a intensidade dos aromas nas cultivares brancas (Tonietto, 2003).

A precipitação pluviométrica exerce influência sobre a sanidade das plantas, acidez e teor de açúcares dos frutos. Quando em excesso, durante todo o ciclo da cultura, favorece a infecção de doenças fúngicas, contribuindo negativamente na produção e qualidade do vinho (Bevilaqua, 1995). Durante a floração, pode ocorrer o abortamento das flores devido à baixa fecundação e, na maturação, pode causar rachaduras nas bagas tornando-as mais suscetíveis a doenças, provocando perdas na produção final (Teixeira et al., 2010).

4.7 INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE (G X A)

A interação genótipo x ambiente (G x A) é a alteração no desempenho relativo de um genótipo em relação aos outros, em ambientes diferenciados. A interação de G x A pode ser definida como respostas diferenciais de genótipos quando submetidos a diferentes ambientes (Allard; Bradshaw, 1964), que resultará em diferentes fenótipos (Eibach; Topfer, 2015). Nas avaliações fenotípicas realizadas em anos anteriores, as variedades demonstram distintos graus de suscetibilidade à podridão da uva madura em diferentes ambientes. As causas de interação são variadas e os fatores de influência deste, previsíveis ou não. Assim, parte da interação G x A pode ser atribuída aos fatores ambientais previsíveis e, neste momento, que se tem a dimensão da complexidade para as respostas de determinado estudo de pesquisa (Squilassi, 2003; Lima Neto, 2009; Van Eeuwijk et al., 2016). Os fatores previsíveis são fotoperíodo, tipo de solo, fertilidade do solo e práticas agrícolas; e imprevisíveis são a distribuição pluviométrica, umidade relativa do ar, temperatura atmosférica e do solo, patógenos e insetos (Borém; Miranda, 2013). Desta forma, é necessário também quantificar a interação genótipo x ambiente, o que possibilitará efetuar recomendações para o cultivo e escolha de parentais para cruzamentos.

No presente estudo, a análise da interação genótipo x ambiente proporcionou resultados relevantes para os programas de melhoramento e para a tomada de decisão dos viticultores. O comportamento diferencial de genótipos possibilita discriminar a maior ou menor sensibilidade a podridão da uva madura dos diferentes genótipos testados. Levando-se em conta que são genótipos que carregam alelos de resistência a míldio e ao oídio, agora com o presente estudo, uma nova característica poderá ser levada em conta na recomendação de variedades ou no lançamento de uma nova variedade, que é o caso das seleções. De igual importância, melhoristas poderão se basear nos dados do presente estudo para decidir na escolha de parentais para cruzamentos futuros (Bai; Lindhout, 2007).

Estudos em várias espécies, incluindo *Peltophorum dubium* (Sebbenn et al., 1999), *Eucalyptus* (Santos et al., 2015) e *Phaseolus vulgaris* (Coimbra et al., 1999), demonstraram interações GxA significativas, indicando respostas diferentes de populações e progênes às condições ambientais. Essa interação pode afetar a eficiência de estratégias de conservação ex situ e programas de melhoramento. Informações ambientais, como fatores climáticos, edáficos e bióticos, podem ser usadas para modelar e interpretar as interações GxA, melhorando a avaliação do genótipo e a recomendação de cultivares (Neto et al., 2020). Métodos analíticos como regressão fatorial e regressão de mínimos quadrados parciais contribuíram para avanços na seleção de genótipos. O componente de interação GxA pode superestimar parâmetros genéticos e influenciar nos ganhos de seleção, destacando a importância de considerar essa interação em programas de melhoramento e recomendações de genótipos (Coimbra et al., 1999; Santos et al., 2015).

Do ponto de vista do viticultor, os resultados são úteis na tomada de decisão de plantios futuros, pois distintas variedades são afetadas diferentemente pela interação genótipo x ambiente. Como era de se esperar, as variedades mais adaptadas a um ambiente não são necessariamente as menos adaptadas em outro ambiente.

REFERÊNCIAS

- ABBAL, P.; CAILLAVA, J.; DUROU, A. Utilisation de parametres physiques pour la caratérisation de la véraison des baies de raisin. *Journal International de la Science de la Vigne et du Vin*, v. 26, p. 231-237, 1992.
- ADANSON, M. *Familles des plantes*. Paris: Vincent, 1763.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype–environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, v. 4, p. 503–508, 1964.
- ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; MORAES, G.; LEONARDO, J.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. *Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. 5. ed. São Paulo: Editora Agronômica Ceres, v. 2, 704 p., 2011.
- ARAÚJO, E. G.; ROBERTO, S. R.; YAMAMOTO, L. Y.; ANTUNES, L. E. C. Métodos de amostragem e tamanho de amostra para avaliar o estado de maturação da uva Niágara Rosada. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 31, n. 4, p. 1060-1067, 2009.
- BAI, Y.; LINDHOUT, P. Domestication and breeding of tomatoes: what have we gained and what can we gain in the future? *Annals of Botany*, v. 100, n. 5, p. 1085-1094, 2007. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1093/aob/mcm150>. Acesso em: 23 jul. 2025.
- BARROS, F. C.; OLIVEIRA, M. B.; HENNING, A. A. Indução de resistência em plantas contra fitopatógenos. *Bioscience Journal*, v. 26, n. 2, p. 231-239, 2010.
- BARONCELLI, A.; SCALA, F.; MASI, G.; VANNACCI, G.; SARROCCO, S.; THON, M. Gene family expansions and contractions are associated with host range in plant pathogens of the genus *Colletotrichum*. *BMC Genomics*, v. 17, p. 555, 2016.
- BEVILAQUA, G. A. P. Avaliações físico-químicas durante a maturação de videiras cultivadas no Rio Grande do Sul. *Current Agricultural Science and Technology*, v. 1, n. 3, 1995.
- BERNSTEIN, Z.; LUSTIG, I. A new method of firmness measurement of grape berries and other juicy fruits. *Vitis*, v. 20, p. 15-21, 1981.
- BOIS, B.; ZITO, S.; CALONNEC, A.; LUCHT, L. Climate vs grapevine pests and diseases worldwide: the first results of a global survey. *OENO One*, v. 51, n. 2, p. 133-139, 2017.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. *Melhoramento de plantas*. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013.
- BORGHEZAN, M.; GAVIOLI, O.; PIT, F. A.; SILVA, A. L. Comportamento vegetativo e produtivo da videira e composição da uva em São Joaquim, Santa Catarina. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 46, p. 398-405, 2011.
- BORSA, D.; TORRES, F.; DE BLASIO, A.; ZANELLA, F. Evoluzione della composizione polifenolica di uve da cultivars diverse durante la maturazione. *L'Enologo*, v. 38, n. 10, p. 81-98, 2002.

BOURNE, M. *Food texture and viscosity: concept and measurement*. 2. ed. Amsterdam: Elsevier, 2002.

BRAGANÇA, C. A. D.; MACIEL, J. L. N.; MICHEREFF, S. J.; BARBOSA, M. A. G.; CÂMARA, M. P. S. Species of the *Colletotrichum acutatum* complex associated with anthracnose diseases of fruit in Brazil. *Fungal Biology*, v. 120, n. 4, p. 547-561, 2016.

BRIGHENTI, A. F.; GATIBONI, L. C.; NACHTIGALL, G. R.; HERZOG, C. Caracterização fenológica e exigência térmica de diferentes variedades de uvas viníferas em São Joaquim, Santa Catarina-Brasil. *Ciência Rural*, v. 43, n. 7, p. 1162-1167, 2013.

BUSSABAN, B.; HYDE, K. D.; MCKENZIE, E. H. C.; LUMYONG, S. Endophytic fungi from *Amomum siamense*. *Canadian Journal of Microbiology*, v. 47, n. 10, p. 943-948, 2001.

CAGNASSO, E.; DARCANGELO, L.; GERBI, V.; VERSARI, A. Contributo allo studio della maturità fenolica in uve piemontesi. *Quaderni della Scuola di Specializzazione in Scienze Viticole ed Enologiche*, v. 26, p. 61-80, 2003.

CAI, L.; HYDE, K. D.; TAYLOR, P. W. J.; WEIR, B. S.; WETHERINGTON, J. D.; PRABHAKARAN, M.; ROSS, K.; COOKSLEY, S.; ROSSALL, S.; WRIGLEY, S.; SIDHU, A.; YU, Z. N.; DUAN, W. J.; GUO, Q.; LUO, C. X.; YAO, Y. J.; ZHANG, K. Q. A polyphasic approach for studying *Colletotrichum*. *Fungal Diversity*, v. 39, n. 1, p. 183-204, 2009.

CANNON, P. F.; DAMM, U.; JOHNSTON, P. R.; WEIR, B. S. *Colletotrichum*: current status and future directions. *Studies in Mycology*, v. 73, n. 1, p. 181-213, 2012.

CAYLA, L.; CAILLAVA, J.; MAURY, C.; CRESPIY, A. Estimation de la maturité phénolique des raisins rouges par la méthode I.T.V. standard. *Revue Française d'Oenologie*, n. 193, p. 10-16, 2002.

CHAMBERS, T. C.; POSSINGHAM, J. V. Studies of the fine structure of the wax layer of Sultana grapes. *Australian Journal of Biological Sciences*, v. 16, n. 4, p. 818-825, 1963.

CHAVARRIA, G.; WOBETO, C.; COUTO, M. Potencial produtivo de videiras cultivadas sob cobertura de plástico. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, p. 141-147, 2009.

CIA, P.; MICHELON, L.; PIRES, E. J. P.; SOARES, M. C. B.; CARRARO, M. Radiação ultravioleta no controle pós-colheita de *Colletotrichum gloeosporioides* em uva 'Niágara Rosada'. *Bragantia*, v. 68, p. 1010-1015, 2009.

COIMBRA, J. L. M.; LEPRI, F. A.; OLIVEIRA, V. R.; GUIDOLIN, A. F. Reflexos da interação genótipo x ambiente e suas implicações nos ganhos de seleção em genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). *Ciência Rural*, v. 29, p. 433-439, 1999.

COOMBE, B. G.; MCCARTHY, M. G. Dynamics of grape berry growth and physiology of ripening. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, v. 6, n. 2, p. 131-135, 2000.

CONSIDINE, J. A.; KNOX, R. B. Development and histochemistry of the cells, cell walls, and cuticle of the dermal system of fruit of the grape, *Vitis vinifera* L. *Protoplasma*, v. 99, p. 347-365, 1979.

CORE TEAM, R. R: *A language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2017. Disponível em: <http://www.r-project.org>. Acesso em: 23 jul. 2025.

CORDA, A. C. I. Die Pilze Deutschlands. In: STURM, J. *Deutschlands Flora in Abbildungen nach der Natur mit Beschreibungen*, v. 3, Abt., tab. 21–32. Nürnberg: Sturm, v. 12, p. 33–64, 1831.

COSTA, V. B.; ALMEIDA, R. M. S. F.; HILHA, A.; BORGES, R. M. Silício no controle da podridão da uva madura na cultura da videira. *Observatório de la Economía Latinoamericana*, v. 22, n. 6, p. e5498, 2024.

CRESPY, A. La maturité polyphénolique. *Revue Française d'Oenologie*, n. 105, p. 40, 2002.

CROUCH, J. A.; BEIRN, L. A. Anthracnose of cereals and grasses. *Fungal Diversity*, v. 39, p. 19-44, 2009.

CRUZ, S. M. da C.; SILVA, M. C. da; FREITAS, L. G.; ALMEIDA, R. N. Ação indutora de produtos abióticos na resistência de tomateiro e efeito sobre o crescimento micelial de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. *Idesia (Arica)*, v. 29, n. 2, p. 111-118, 2011.

CZERMAINSKI, A. B. C.; SÔNEGO, O. R. Influência das condições climáticas sobre a eficácia de fungicidas empregados para o controle do míldio em *Vitis vinifera*. *Ciência Rural*, v. 34, n. 1, p. 5-11, 2004.

DAL SANTO, S.; VANNI, C.; TORNIELLI, G. B.; FERRANDINO, A.; PINTO, G. L.; ZOCCHETTO, M.; TRAVERSO, D.; NARDINI, E.; PEZZOTTI, M.; CELOTTI, E. Distinct transcriptome responses to water limitation in isohydric and anisohydric grapevine cultivars. *BMC Genomics*, v. 17, p. 565, 2016.

DAMBROS, D.; BETTI, J. A.; SEIXAS, C.; SOUZA, D. C. Caracterização epidemiológica e fosfitos no manejo da podridão por *Aspergillus niger* em uva de mesa. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 11, n. 3, p. 171-177, 2016.

DAMM, U.; CANNON, P. F.; WOUDEMBERG, J. H. C.; CROUS, P. W. The *Colletotrichum boninense* species complex. *Studies in Mycology*, v. 73, p. 1–36, 2012.

DAYKIN, M. E.; MILHOLLAND, R. D. Histopathology of ripe rot caused by *Colletotrichum gloeosporioides* on muscadine grape. *Journal Series Paper*, v. 27695, n. 76, p. 16, 1984.

DE MELLO, L. M. R.; MACHADO, C. A. E. Vitivinicultura brasileira: panorama 2019. *Comunicado Técnico*, v. 199, p. 1-7, 2020.

DE MOURA BRASIL, N.; GALDINO, A. S.; FREITAS, S. C. Caracterização físico-química de bagaço de uva Chardonnay proveniente do processo de vinificação. In: *Revista do Congresso Sul Brasileiro de Engenharia de Alimentos*, 2016.

DE SOUZA, A.; MICHEREFF, S. J.; MENEZES, M.; BARBOSA, M. A. G.; CÂMARA, M. P. S. Lack of host specificity of *Colletotrichum* spp. isolates associated with anthracnose symptoms on mango in Brazil. *Plant Pathology*, v. 62, n. 5, p. 1038-1047, 2013.

- DEAN, R.; VAN KAN, J. A. L.; PRETORIUS, Z. A.; HAMMOND-KOSACK, K. E.; DI PIETRO, A.; SPANU, P. D.; RUDD, J. J.; DICKMAN, M.; KAHMANN, R.; ELLIS, J.; FOSTER, G. D. The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology*, v. 13, n. 4, p. 414-430, 2012.
- DIAS, A. H.; HILHA, A.; DALBÓ, M. A.; SOUZA, A. L. K.; MAY-DE-MIO, L. L. Anthracnose susceptibility for grapevines with resistance loci to downy and powdery mildew in Southern Brazil. *Vitis*, v. 61, n. 3, 2022.
- DIAS, A. H.; DALBÓ, M. A.; HILHA, A.; MAY-DE-MIO, L. L.; SOUZA, A. L. K. Phenology and viticultural performance of different fungus-resistant grapevine advanced selections at three different altitudes in southern Brazil. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 45, p. e-988, 2023.
- DRORI, N.; LEVY, A.; KAPULNIK, Y.; ELAD, Y.; CARMEL-GOREN, L. External pH and nitrogen source affect secretion of pectate lyase by *Colletotrichum gloeosporioides*. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 69, n. 6, p. 3258-3262, 2003.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, v. 19, p. 11-15, 1987.
- ECHEVERRIGARAY, S.; CAZELLA, L. N.; SCHEIDT, G. N.; PENHA, D.; MALLMANN, D. Species diversity of *Colletotrichum* causing ripe rot in Brazilian vineyards. *European Journal of Plant Pathology*, v. 158, p. 103-118, 2020.
- EIBACH, R.; TÖPFER, R. Traditional grapevine breeding techniques. In: REYNOLDS, A. (Ed.). *Grapevine breeding programs for the wine industry*. Cambridge: Woodhead Publishing, 2015. p. 3-22.
- EMBRAPA. Inteligência e mercado da uva e vinho. 2023. Disponível em: <https://www.embrapa.br/cim-uva-e-vinho/a-viticultura-no-brasil>. Acesso em: 6 set. 2023.
- EPAGRI. *Síntese anual da agricultura de Santa Catarina 2014-2015*. Centro de Socioeconomia e Planejamento Agrícola – CEPA. Florianópolis, SC: EPAGRI, 2015.
- FAILLA, O.; VUJCIC, Y.; RUIZ, M.; CASTELLI, L. Actual and possible impact of grapevine local varieties on viticulture: the Italian case. In: *International Workshop on Advances in Grapevine and Wine Research*, v. 754, 2005. p. 31-38.
- FALCÃO, L. D.; BURIN, V. M.; SILVA, F. L.; BORDIGNON-LUIZ, M. T. Maturity of Cabernet Sauvignon berries from grapevines grown with two different training systems in a new grape growing region in Brazil. *Ciencia e Investigación Agraria*, v. 35, n. 3, p. 271-282, 2008.
- FARR, D. F.; ROSSMAN, A. Y. Fungal databases, US national fungus collections. *U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service*, v. 6, 2017. Disponível em: <https://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases/>. Acesso em: 23 jul. 2025.
- FREEMAN, M. R.; DOHERTY, J.; MOORE, M.; HELLER, D.; SHARP, L. The dare gene: steroid hormone production, olfactory behavior, and neural degeneration in *Drosophila*. *Development*, v. 126, n. 20, p. 4591-4602, 1999.

FU, P.; WANG, Y.; YANG, Y.; ZHANG, L.; SUN, Y. *Cgr1*, a ripe rot resistance QTL in *Vitis amurensis* ‘Shuang Hong’ grapevine. *Horticulture Research*, v. 6, 2019.

GAN, P.; ITO, K.; MATSUMURA, H.; NARUSAKA, M.; NARUSAKA, Y.; TAKANO, Y.; KAMOUN, S.; SHIRASU, K. Comparative genomic and transcriptomic analyses reveal the hemibiotrophic stage shift of *Colletotrichum* fungi. *New Phytologist*, v. 197, n. 4, p. 1236–1249, 2013.

GERBI, V.; D’ONOFRIO, C.; ZAMBONELLI, C.; VERSARI, A. Indagine sul profilo antocianico di vitigni autoctoni piemontesi. In: *Ricerche e innovazioni nell’industria alimentare*. Pinerolo: Chiriotti Editori, 2004. p. 377–383.

GIOVANNINI, E.; MANFROI, V. *Viticultura e enologia: elaboração de grandes vinhos nos terroirs brasileiros*. Bento Gonçalves: IFRS, 2009.

GLORIES, Y.; AUGUSTIN, M. Maturité phénologique du raisin, conséquences technologiques: applications aux millésimes 1991 et 1992. In: *Actes du Colloque Journée technique du CIVB*, 21 jan. 1993. Bordeaux: CIVB, p. 56.

GREER, L. A.; THOMAS, M. R.; HUNTER, J. J. Infection of *Vitis vinifera* (cv. Chardonnay) inflorescences by *Colletotrichum acutatum* and *Greeneria uvicola*. *Journal of Phytopathology*, v. 162, n. 6, p. 407–410, 2014.

GRIS, E. F.; BURIN, V. M.; BRIGHENTI, E.; VIEIRA, H. J.; BORDIGNON-LUIZ, M. Phenology and ripening of *Vitis vinifera* grape varieties in São Joaquim, southern Brazil: a new South American wine growing region. *Ciencia e Investigación Agraria*, v. 37, p. 61–75, 2010.

GRIS, E. F.; ZANELLA, R. F.; HENRIQUES, A. T.; BORDIGNON-LUIZ, M. Proanthocyanidin profile and antioxidant capacity of Brazilian *Vitis vinifera* red wines. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, v. 126, p. 213–220, 2011.

GUNJAN, S.; PRASAD, S. M.; MISHRA, A.; SHUKLA, R. Morphological and molecular characterization of *Colletotrichum* species causing anthracnose in fruit crops. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, v. 46, n. 15, p. 1807–1817, 2013.

HILHA, A.; ANDRADE, C. E. L.; BURIN, M. R.; MEDEIROS, R. F.; ALMEIDA, M. P.; ORLANDI, F. B.; FREITAS, F. R.; DALBÓ, M. A.; SOUZA, A. L. K.; MAY-DE-MIO, L. L.; NODARI, R. O. *Vitis* species and varietal resistance of mature berries against inoculation of an isolate of the *Colletotrichum acutatum* complex that causes grape ripe rot. *Acta Horticulturae*, v. 1385, p. 89–96, 2024. DOI: <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2024.1385.13>.

HYDE, K. D.; CAI, L.; CANNON, P. F.; CROUS, P. W.; DODD, S. L.; JOHNSTON, P. R.; JONES, E. B. G.; LIU, Z. Y.; MCKENZIE, E. H. C.; MORRISON, D. A.; TAN, Y. P.; TAYLOR, P. W. J.; WEIR, B. S. *Colletotrichum*: a catalogue of confusion. *Fungal Diversity*, v. 39, n. 1, p. 1–17, 2009.

HYDE, K. D.; UDAYANGA, D.; MANAMGODA, D. S.; TAO, W. Y.; MEI, Y.; DU, H. T.; DONG, J. H.; LI, Y. One stop shop: backbone trees for important phytopathogenic genera: I (2014). *Fungal Diversity*, v. 67, p. 21–125, 2014.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Produção de uva. 2023. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/uva/br>. Acesso em: 26 mar. 2023.

IPGRI; OIV. *Descriptors for grapevine (Vitis spp.)*. Geneva: International Union for the Protection of New Varieties of Plants; Paris: Office International de la Vigne et du Vin; Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 1997. 4 p. (IPGRI/OIV Descriptor List, 142(34)).

JACKSON, D. I.; SPURLING, M. B. Climate and viticulture. In: DRY, P. R.; COOMBE, B. G. (Ed.). *Viticulture: Practices*. v. 2. Adelaide: Winetitles, 2001. p. 91.

JAYAWARDENA, R. S.; HYDE, K. D.; DONG, Y.; LI, X. H.; LIU, M.; GAO, W. Notes on currently accepted species of *Colletotrichum*. *Mycosphere*, v. 7, n. 8, p. 1192–1260, 2016.

JOHNSTON, P. R.; PENNYCOOK, S. R.; MANNING, M. A. Taxonomy of fruit rotting fungal pathogens: what's really out there. *New Zealand Plant Protection*, v. 58, p. 42–46, 2005.

KELLER, M. *The science of grapevines: anatomy and physiology*. 1. ed. London: Academic Press, 2010.

KISS, L.; KOMÁREK, M.; KRYŠÁKOVÁ, M. Foreword: special issue on fungal grapevine diseases. *European Journal of Plant Pathology*, v. 144, p. 693–694, 2016.

KUMMUANG, N.; JEFFERS, S. N.; KELLY, M. T. Muscadine grape berry rot diseases in Mississippi: disease epidemiology and crop reduction. *Plant Disease*, v. 80, p. 244–247, 1996.

LATUNDE-DADA, A. O.; LUCAS, J. A. Localized hemibiotrophy in *Colletotrichum*: cytological and molecular taxonomic similarities among *C. destructivum*, *C. linicola* and *C. truncatum*. *Plant Pathology*, v. 56, n. 3, p. 437–447, 2007.

LELES, N. R.; DALBÓ, M. A.; MELO, A. T. O.; NICKEL, O.; SCHMITT, R. H. Manejo da podridão da uva madura em videira ‘Niagara Rosada’. *Semina: Ciências Agrárias*, v. 43, n. 5, p. 2189–2204, 2022.

LIANG, M.; BAILEY, J. E.; GLASSER, J. W. Physical and mechanical properties of muscadine grapes related to maturity, mechanical harvesting and processing. *American Society of Agricultural Engineers*, 90-6548, 32 p., 1990.

LIMA NETO, I. da S. Interação genótipo x ambiente na reação de progênies de melancia à alternariose no Submédio São Francisco. 2009. 72 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal do Vale do São Francisco, Petrolina, 2009.

LIU, B.; MA, Z.; HUANG, L.; CHEN, W.; LI, Y. Comparison of *Colletotrichum orbiculare* and several allied *Colletotrichum* spp. for mtDNA RFLPs, intron RFLP and sequence variation, vegetative compatibility, and host specificity. *Phytopathology*, v. 97, n. 10, p. 1305–1314, 2007.

LIU, F.; WANG, M.; DONG, W.; CAO, S.; ZHANG, Q.; ZHANG, J.; LUO, C.; ZHANG, K.; LI, H. Unravelling *Colletotrichum* species associated with *Camellia*: employing ApMat and GS loci to resolve species in the *C. gloeosporioides* complex. *Persoonia – Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, v. 35, n. 1, p. 63–86, 2015.

- LIU, F.; WANG, M.; WU, B.; CAO, S.; ZHANG, Q.; LUO, C. Molecular and phenotypic characterization of *Colletotrichum* species associated with anthracnose disease in peppers from Sichuan Province, China. *Scientific Reports*, v. 6, n. 1, p. 32761, 2016a.
- LIU, F.; HUANG, Y.; YANG, J.; SU, Y.; ZHANG, K. Species boundaries in plant pathogenic fungi: a *Colletotrichum* case study. *BMC Evolutionary Biology*, v. 16, p. 1–14, 2016b.
- LOPES, M. E.; SILVA, M. R.; BRIGHENTI, A. F.; ZORZANELLI, R. F. *Colletotrichum theobromicola* assigned as the causal agent of anthracnose in feijoa (*Acca sellowiana*). *Australasian Plant Pathology*, v. 52, n. 4, p. 241–251, 2023.
- MACIEL, D. B.; COELHO, A. S. G.; MARTINS, C. S.; OLIVEIRA, S. A. S.; MICHEREFF, S. J. Amplification of the *cap20* pathogenicity gene and genetic characterization using different molecular markers in *Colletotrichum gloeosporioides* isolates. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, v. 53, n. 6, p. 1255–1266, 2010.
- MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; HYDE, K. D.; JONES, E. B. G.; MCKENZIE, E. H. C.; HUANG, S. K.; ABEYWICKRAMA, P. D.; MANAMGODA, D. S.; CAMPBELL, C. D.; CHUKEATIROTE, E.; MA, X. Y.; BHAT, J. D. Families of Sordariomycetes. *Fungal Diversity*, v. 79, p. 1–317, 2016.
- MANAMGODA, D. S.; UDAYANGA, D.; MCKENZIE, E. H. C.; CHUKEATIROTE, E.; HYDE, K. D. Endophytic *Colletotrichum* from tropical grasses with a new species *C. endophytica*. *Fungal Diversity*, v. 61, p. 107–115, 2013.
- MANIRE, C. A.; MASON, C.; CHRISTOPHER, M. M.; NORTON, T. M.; YABSLEY, M. J. Disseminated mycotic infection caused by *Colletotrichum acutatum* in a Kemp's ridley sea turtle (*Lepidochelys kempi*). *Journal of Clinical Microbiology*, v. 40, n. 11, p. 4273–4280, 2002.
- MARTINEZ, L. La dégustation des baies de raisin. *Revue des Œnologues*, v. 29, n. 105, p. 19–21, 2002.
- MASCARIN, G. M.; JACKSON, M. A.; LOPES, R. B. Data on morphological features of mycosis induced by *Colletotrichum nymphaeae* and *Lecanicillium longisporum* on citrus orthezia scale. *Data in Brief*, v. 8, p. 49–51, 2016.
- MASCARENHAS, R. J.; SILVA, T. C.; SANTOS, A. S. Qualidade sensorial e físico-química de uvas finas de mesa cultivadas no submédio São Francisco. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 35, p. 546–554, 2013.
- MATTIVI, F.; VRHOVSEK, U.; MASUERO, D.; TRAINOTTI, D. Il potenziale polifenolico delle uve rosse e la sua applicazione in enologia. *L'Enologo*, v. 10, p. 105–114, 2003.
- MENDGEN, K.; HAHN, M.; DEISING, H. Morphogenesis and mechanisms of penetration by plant pathogenic fungi. *Annual Review of Phytopathology*, v. 34, n. 1, p. 367–386, 1996.
- MENEGUZZO, J.; MANFROI, V.; ZANELLA, R. F. Efeito de *Botrytis cinerea* na composição do vinho Gewürztraminer. *Food Science and Technology*, v. 26, p. 527–532, 2006.
- MENEZES, M. Aspectos biológicos e taxonômicos de espécies do gênero *Colletotrichum*. *Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agronômica*, v. 3, p. 170–179, 2006.

MEUNIER, M.; STEEL, C. C. Effect of *Colletotrichum acutatum* ripe rot on the composition and sensory attributes of Cabernet Sauvignon grapes and wine. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, v. 15, n. 3, p. 223–227, 2009.

MIYARA, I.; SHNAIDER, Y.; PERETZ, Y.; DAVYDOV, O.; SHARON, A. pH regulation of ammonia secretion by *Colletotrichum gloeosporioides* and its effect on appressorium formation and pathogenicity. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, v. 23, n. 3, p. 304–316, 2010.

MOUTOUNET, M.; MCDUGALL, G. J.; WILLIAMSON, G.; BOUDESOCQUE, L.; PERNOT, P. Structural characterization of grape berry tannins. Some examples of the effect of vine variety, “terroir” and vine training. *Bulletin de l’O.I.V.*, n. 783–784, p. 433–443, 1996.

MUGANU, M.; PALOCCI, M. Adaption of local grapevine germplasm: exploitation of natural defense mechanisms to biotic stress. In: *The Mediterranean Genetic Code – Grapevine and Olive*. Bentham Science Publishers, 2013.

MYLES, S.; BOYKO, A. R.; OWENS, C. L.; BROWN, P. J.; GRASSI, F.; ARADHYA, M. K.; PRINS, B.; REYNOLDS, A.; CHIA, J.-M.; WARE, D.; BUSTAMANTE, C. D.; BUCKLER, E. S. Genetic structure and domestication history of the grape. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 108, n. 9, p. 3530–3535, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1009363108>.

NAMIKOSHI, M.; FUJITA, Y.; KAWAMURA, Y.; KOJIMA, M.; KAMIYA, K. Distribution of marine filamentous fungi associated with marine sponges in coral reefs of Palau and Bunaken Island, Indonesia. 2002. Tese (Doutorado) – Tokyo University of Marine Science and Technology, Tóquio, 2002.

NETO, A. T. de S.; SILVA, J. R. L.; OLIVEIRA, R. M. Adaptação de genótipos de café arábica no município de Areia-PB (Ano II). Areia: Universidade Federal da Paraíba, 2020.

NICHOLSON, R. L.; HAMMERSCHMIDT, R. Phenolic compounds and their role in disease resistance. *Annual Review of Phytopathology*, v. 30, n. 1, p. 369–389, 1992.

NUNAN, K. J.; DAVIES, C.; ROBINSON, S. P.; FINCHER, G. B. Isolation and characterization of cell walls from the mesocarp of mature grape berries (*Vitis vinifera*). *Planta*, v. 203, p. 93–100, 1997.

O’CONNELL, R. J.; THON, M. R.; HANYA, S. H.; DONG, S.; SCHNEIDER, C. L.; KOHLER, A.; BUBNER, B.; WURTZ, S.; ZHANG, J.; WILLS, J. Lifestyle transitions in plant pathogenic *Colletotrichum* fungi deciphered by genome and transcriptome analyses. *Nature Genetics*, v. 44, n. 9, p. 1060–1065, 2012. <https://doi.org/10.1038/ng.2372>.

O’DONNELL, S. E. Recognition of calcineurin by the domains of calmodulin: thermodynamic and structural determinants. 2009. Tese (Doutorado) – The University of Iowa, Iowa City, 2009.

OIRDI, M. E.; AMROUCHE, A.; BENCHIKH-LEHOUIEL, L.; AISSI, M. A.; CHIKHI, I.; BENABDALLAH, A. Crops and people: the dangers and potential benefits of pesticides. *Cogent Food & Agriculture*, v. 10, n. 1, p. 2334096, 2024.

OIV – INTERNATIONAL ORGANISATION OF VINE AND WINE. *World vitiviniculture situation*. OIV Statistical Report on World Vitiviniculture, 2017. Disponível em: <https://www.oiv.int/public/medias/5479/oiv-en-bilan-2017>. Acesso em: 23 jul. 2025.

- OJEDA, H.; DOSSA, A. A.; VERDUZIER, A.; DELOIRE, A. Influence of pre- and postveraison water deficit on synthesis and concentration of skin phenolic compounds during berry growth of *Vitis vinifera* cv. Shiraz. *American Journal of Enology and Viticulture*, v. 53, n. 4, p. 261–267, 2002.
- PERES, N. A.; TIMMER, L. W.; ADASKAVEG, J. E.; CORRELL, J. C. Postbloom fruit drop of citrus and key lime anthracnose are caused by distinct phylogenetic lineages of *Colletotrichum acutatum*. *Phytopathology*, v. 98, n. 3, p. 345–352, 2008.
- PENG, L.; LI, C.; ZHANG, Q.; XU, J.; LUO, C. Detection of *Colletotrichum* spp. causing anthracnose of grapes using nested PCR. *Plant Disease*, v. 96, n. 9, p. 1375–1381, 2012.
- PHOTITA, W.; TAYLOR, P. W. J.; HYDE, K. D.; LUMYONG, S. Morphological and molecular characterization of *Colletotrichum* species from herbaceous plants in Thailand. *Fungal Diversity*, v. 18, n. 2, p. 117–133, 2005.
- PHOULIVONG, S.; MCKENZIE, E. H. C.; HYDE, K. D. Cross infection of *Colletotrichum* species: a case study with tropical fruits. *Current Research in Environmental & Applied Mycology*, v. 2, n. 2, p. 99–111, 2012.
- PIRRELLO, C.; MIZZOTTI, C.; TOMAZETTI, T. C.; COLOMBO, M.; BETTINELLI, P.; PRODORUTTI, D.; PERESSOTTI, E.; ZULINI, L.; STEFANINI, M.; ANGELI, G.; MASIERO, S.; WELTER, L.; HAUSMANN, L.; VEYULLI, S. Emergent Ascomycetes in viticulture: an interdisciplinary overview. *Frontiers in Plant Science*, v. 10, p. 1394, 2019. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01394>.
- PIRES, C. A.; GOMES, A. S.; COSTA, D. D. Occurrence of pathogenic and endophytic fungi in healthy plant tissues. *Journal of Mycology*, v. 41, n. 2, p. 210–216, 2005.
- PRUSKY, D.; YAKOBY, N. Pathogenic fungi: leading or led by ambient pH? *Molecular Plant Pathology*, v. 4, n. 6, p. 509–516, 2003.
- ROBIN, J. P.; DELTEIL, D.; GLORIES, Y. La fermeté des baies de raisin: définition d'un indice de fermeté, corrélation avec les modifications de couleur et application à la détection précoce de la véraison. In: *Symposium International d'Œnologie*, Bordeaux, 15–17 juin 1995. Londres: Technique et Documentation, 1996. p. 109–114.
- ROBIN, J. P.; GLORIES, Y.; DELTEIL, D. Fermeté et maturation du raisin: définition et évolution de différents paramètres rhéologiques au cours de la maturation. *Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin*, v. 31, p. 127–138, 1997.
- RODRÍGUEZ-LÓPEZ, E. S.; GUERRA-SÁNCHEZ, M. G.; CARRILLO-FLORES, G. A.; TOVAR-PÉREZ, E. G. La infección de *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. y Sacc. en aguacatero (*Persea americana* Mill.): aspectos bioquímicos y genéticos. *Revista Mexicana de Fitopatología*, v. 27, n. 1, p. 53–63, 2009.
- ROGÉRIO, F.; GLIENKE, C.; MARINHO, P.; KOBORI, R.; HENNING, L. M. Phylogeny and variability of *Colletotrichum truncatum* associated with soybean anthracnose in Brazil. *Journal of Applied Microbiology*, v. 122, n. 2, p. 402–415, 2017.

- ROGÉRIO, F.; GLIENKE, C.; MICHEREFF, S. J.; MEDEIROS, F. H. V. Caracterização molecular de espécies de *Colletotrichum* associadas à videira no sul do Brasil. *Tropical Plant Pathology*, v. 42, p. 178–188, 2017.
- ROLLE, L.; COTTINO, M.; GIORDANO, M.; NOVELLO, V. Applicazione della texture analysis alla valutazione della qualità dell'uva. *Quaderni di Viticoltura ed Enologia dell'Università di Torino*, v. 28, p. 75–84, 2006.
- ROLLE, L.; GIORDANO, M.; RINALDI, A.; TORCHIO, F.; GERBI, V. Influence of wine-grape skin hardness on the kinetics of anthocyanin extraction. *International Journal of Food Properties*, v. 15, n. 2, p. 249–261, 2012.
- ROSA, F. A.; PAIVA, T. S. A aplicação de marcadores moleculares na biologia molecular: estudos filogenéticos e populacionais. *Revista de Genética e Biotecnologia*, v. 17, n. 2, p. 55–63, 2009.
- ROSENQUIST, J. K.; MORRISON, J. C. Some factors affecting cuticle and wax accumulation on grape berries. *American Journal of Enology and Viticulture*, v. 40, n. 4, p. 241–244, 1989.
- ROSSAROLLA, M. D.; PERES, L. E. P.; PIRES, L. M.; PERES, A. R.; DALBÓ, M. A. The interplay between hormone signaling and defense gene expression in grapevine genotypes carrying genetic resistance against *Plasmopara viticola*. *Vitis*, v. 60, n. 4, 2021.
- ROSIER, J. P. Métodos de extração de DNA aplicados à fitopatologia. *Fitopatologia Brasileira*, v. 31, n. 1, p. 1–5, 2006.
- ROUSSEAU, J. Suivi de la maturité des raisins par analyse sensorielle descriptive quantifiée des baies. Relation avec les profils sensoriels des vins et les attentes des consommateurs. *Bulletin de l'O.I.V.*, v. 74, n. 849–850, p. 719–728, 2001.
- ROUSSEAU, J.; DELTEIL, D. Présentation d'une méthode d'analyse sensorielle des raisins: principe, méthode et grille d'interprétation. *Revue Française d'Oenologie*, n. 183, p. 10–13, 2000.
- RUIZ HERNÁNDEZ, M. Estudios of berry skin structure of red *Vitis vinifera* grapes from Rioja. *Semana Vitivinícola*, n. 2579, p. 91–93, 1996.
- RUSTIONI, L.; FAILLA, O.; RINALDI, M.; MAGRINI, M. Optical properties of berry epicuticular waxes in four Georgian grape cultivars (*Vitis vinifera* L.). *South African Journal of Enology and Viticulture*, v. 33, n. 2, p. 138–143, 2012.
- SAINT-CRICQ, N. G.; GLORIES, Y.; MOINE, J. Maturité phénolique: définition et contrôle. *Revue Française d'Oenologie*, n. 173, p. 22–25, 1998.
- SANTOS, G. A.; PAULETTI, V.; NOGUEIRA, A. C.; SCALON, S. P. Q.; FERREIRA, L. M. Interação genótipos x ambientes para produtividade de clones de *Eucalyptus* L'Hér. no estado do Rio Grande do Sul. *Revista Árvore*, v. 39, p. 81–91, 2015.
- SATO, A.; YAMADA, M. Berry texture of table, wine, and dual-purpose grape cultivar quantified. *HortScience*, v. 38, n. 4, p. 578–581, 2003.

- SCHENA, L.; HUGHES, K. J. D.; NICOLI, G.; COOKE, D. E. L. Species of the *Colletotrichum gloeosporioides* and *C. boninense* complexes associated with olive anthracnose. *Plant Pathology*, v. 63, n. 2, p. 437–446, 2014.
- SCHLOSSER, J.; MEYER, M. C.; BELLINAZI, C.; FILHO, M. A. S. Cellular expansion and gene expression in the developing grape (*Vitis vinifera* L.). *Protoplasma*, v. 232, p. 255–265, 2008.
- SEBBENN, A. M.; MORAES, S. M. B.; LEMES, M. R.; LIMA, R. M.; VENCOVSKY, R. Interação genótipo x ambiente na conservação *ex situ* de *Peltophorum dubium*, em duas regiões do Estado de São Paulo. *Revista do Instituto Florestal*, v. 11, n. 1, p. 75–89, 1999.
- SEGADE, S. R.; SANTAMARÍA, O.; DOMÍNGUEZ, H.; LOSADA, R. Berry skin thickness as main texture parameter to predict anthocyanin extractability in winegrapes. *LWT – Food Science and Technology*, v. 44, n. 2, p. 392–398, 2011.
- SIVCEV, B. V.; KOSTIC, M. B.; MISIC, D.; SARIC, M. Natural process and use of natural matters in organic viticulture. *Journal of Agricultural Sciences*, v. 55, p. 195–215, 2010.
- SAKINAH, M. A. I.; SUZianti, I. V.; LATIFFAH, Z. Phenotypic and molecular characterization of *Colletotrichum* species associated with anthracnose of banana (*Musa* spp.) in Malaysia. *Genetics and Molecular Research*, v. 13, n. 2, p. 3627–3637, 2014.
- SHARMA, G.; SHENOY, B. D. *Colletotrichum* systematics: past, present and prospects. *Fungal Biology Reviews*, v. 30, p. 113–126, 2016.
- SHIMANO, I. S. H.; SENTELHAS, P. C. Risco climático para ocorrência de doenças fúngicas da videira no Sul e Sudeste do Brasil. *Revista Ciência Agronômica*, v. 44, p. 527–537, 2013.
- SHIRAISHI, M.; FUKUDA, H.; YAMAMOTO, T.; ISHIMARU, M.; YOSHINAGA, K. Screening for resistance to ripe rot caused by *Colletotrichum acutatum* in grape germplasm. *Vitis – Geilweilerhof*, v. 46, n. 4, p. 196–198, 2007.
- SHIVAPRAKASH, M. R.; BHAT, R. V.; CHAKRABARTI, A.; BHAT, D.; HITTINGHALLI, V. B.; APPAIAH, K. N. *Colletotrichum truncatum*: an unusual pathogen causing mycotic keratitis and endophthalmitis. *Journal of Clinical Microbiology*, v. 49, n. 8, p. 2894–2898, 2011.
- SOMERVILLE, C.; BAUER, S.; BRININSTOOL, G.; FACETTI, P.; GUTIERREZ, R.; JONIKAS, M.; LEWIS, R.; NICOLETTI, C.; OELLER, P.; PAREDES, M.; SKUZA, A.; SMITH, L. G. Toward a systems approach to understanding plant cell walls. *Science*, v. 306, n. 5705, p. 2206–2211, 2004. <https://doi.org/10.1126/science.1102765>.
- SÔNIGO, O. R.; GARRIDO, L. R.; GREGOLETTI JUNIOR, A. Principais doenças fúngicas da videira no Sul do Brasil. *Circular Técnica – EPAGRI*, n. 56, 32 p., 2005.
- SQUILASSI, M. G.; MARTINS, P. A.; SOARES, L. Interação de genótipos com ambientes. *Embrapa Tabuleiros Costeiros – Livro Técnico (INFOTECA-E)*, 2003.
- SQUISSATO, V.; OLIVEIRA, F. M.; KUSZTRICH, L. M.; LAZZAROTTO, C. M.; TAVARES, D. C.; TONDO, L. K.; CONCEIÇÃO, F. R. *Colletotrichum truncatum* species

complex: treatment considerations and review of the literature for an unusual pathogen causing fungal keratitis and endophthalmitis. *Medical Mycology Case Reports*, v. 9, p. 1–6, 2015.

STANGARLIN, J. R.; SCHWAN-ESTRADA, K. R. F.; CRUZ, M. E. S.; NOZAKI, M. H. A defesa vegetal contra fitopatógenos. *Scientia Agraria Paranaensis*, v. 10, n. 1, p. 18–28, 2011.

STEEL, C. C.; WEEKS, A. R.; ALEXANDER, B. Grapevine inflorescences are susceptible to the bunch rot pathogens, *Greeneria uvicola* (bitter rot) and *Colletotrichum acutatum* (ripe rot). *European Journal of Plant Pathology*, v. 133, p. 773–778, 2012.

STEFANINI, I.; CAVALIERI, D. Metagenomic approaches to investigate the contribution of the vineyard environment to the quality of wine fermentation: potentials and difficulties. *Frontiers in Microbiology*, v. 9, 2018. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00991>.

SUTTON, B. C. The genus *Glomerella* and its anamorph *Colletotrichum*. In: BAILEY, J. A.; JEGGER, M. J. (Ed.). *Colletotrichum: biology, pathology and control*. Wallingford: CAB International, 1992. p. 1–26.

TAO, G. et al. Endophytic *Colletotrichum* species from *Bletilla ochracea* (Orchidaceae), with descriptions of seven new speices. **Fungal Diversity**, v. 61, p. 139-164, 2013.

TATEISHI, Y., NOGUCHI, M. Phenolic compounds in onion (*Allium cepa*) scales prevent the germination of *Botrytis allii* conidia. *Annals of the Phytopathological Society of Japan*, 56(4), 510-515. 1990.

TEIXEIRA, A. H. de C. et al. Aspectos agrometeorológicos da cultura da videira. **Embrapa Semiárido**. Sistemas de Produção, 1 – 2a. ed. ISSN 1807-0027 Versão Eletrônica. 2010.

THOMÉ, V.M.R. et al. **Zoneamento Agroecológico e Socioeconômico de Santa Catarina**. Florianópolis: Epagri, 1999, v.1000. p.1000

TONIETTO, J. Clima. In: KUHN, G. B. (Ed.). **Uva para processamento: produção**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 27-33.

TÖPFER R. et al. Molecular breeding. In: **Adam-Blondon AF, Martinez-Zapater JM (eds) Genetics, genomics, and breeding of grapes**. CRC Press, Boca Raton, pp 160–185. 2011.

VAN EEUWIJK, F.A. t al. What Should Students in Plant Breeding Know About the Statistical Aspects of Genotype × Environment Interactions? **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2119-2140, set. 2016. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0375>

VAN KAN, J.A.L. Licensed to kill: the lifestyle of a necrotrophic plant pathogen. **Trends In Plant Science**, v. 11, n. 5, p. 247-253, maio 2006. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tplants.2006.03.005>.

VARGAS, W. A. et al. Plant defense mechanisms are activated during biotrophic and necrotrophic development of *Colletotricum graminicola* in maize. **Plant physiology**, v. 158, n. 3, p. 1342-1358, 2012.

VELHO, A. C. et al. New insights into the characterization of *Colletotrichum* species associated with apple diseases in southern Brazil and Uruguay. **Fungal Biology**, v. 119, n. 4, p. 229-244, 2015.

VENENCIE, C. et al. Maturité polyphénolique du raisin mise en place d'une méthode d'analyse de routine. **Revue Française d'Oenologie**, n. 167, p. 36-37, 40-41. 1997.

VILLA-RIVERA, M. G. et al. The role of virulence factors in the pathogenicity of *Colletotrichum* sp. **Current Protein and Peptide Science**, v. 18, n. 10, p. 1005-1018, 2017.

VIVC (Vitis International Variety Catalogue). Disponível em: <http://www.vivc.de/index.php?r=passport%2Fview&id=4572>.

VOEGELE, R. T.; MENDGEN, K.; HAHN, M. The uredinales: cytology, biochemistry, and molecular biology. Berlin: Springer, 2009.

VOIGT, C. A. Callose-mediated resistance to pathogenic intruders in plant defense-related papillae. *Frontiers in Plant Science*, v. 5, 2014. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00168>.

WEIR, B. S.; JOHNSTON, P. R.; DAMM, U. The *Colletotrichum gloeosporioides* species complex. *Studies in Mycology*, v. 73, p. 115–180, 2012.

YOULIAN, Y.; XIANG, M.; HUIQUAN, Z.; YUN, Y. *Colletotrichum* species on *Orchidaceae* in southwest China. *Cryptogamie, Mycologie*, v. 32, n. 3, p. 229–253, 2011.

CAPÍTULO 1 - AVALIAÇÃO DA PODRIDÃO DA UVA DA MADURA EM GENÓTIPOS DE VIDEIRA NO MOMENTO DA COLHEITA EM TRÊS DIFERENTES AMBIENTES DE SANTA CATARINA

Resumo

A videira (*Vitis* spp.) é uma das principais frutíferas cultivadas no mundo, mas no sul do Brasil, o clima úmido favorece a incidência de podridão da uva madura, causada por *Colletotrichum* spp. Este estudo avaliou a incidência e severidade da doença em três localidades de Santa Catarina (Curitibanos, Videira e São Joaquim), durante três safras consecutivas (2018/2019, 2019/2020 e 2020/2021) e em 15 cultivares e seis seleções avançadas de videira. A variedade Sauvignon Blanc foi utilizada como testemunha padrão. Foram coletados dados climáticos para correlação com a ocorrência da doença, e as análises estatísticas foram conduzidas por meio do modelo BLUP, considerando os efeitos da interação genótipo $\times$ ambiente. Os resultados indicaram variações significativas entre as cultivares quanto à resistência à podridão da uva madura, com destaque para Souvignier Gris, GF.2004-043-0015 e Calardis Blanc, que apresentaram menor incidência da doença ao longo das safras. Em contrapartida, as variedades Cabernet Cortis, Baron e Sauvignon Blanc mostraram maior severidade, independentemente da localidade ou safra. A precipitação e a umidade relativa foram os principais fatores climáticos correlacionados ao aumento da severidade da doença. A interação genótipo $\times$ ambiente demonstrou ser determinante na expressão da resistência, sendo que algumas variedades mantiveram desempenho estável, enquanto outras foram sensíveis às variações climáticas. Entre as localidades, Curitibanos foi a mais suscetível à doença, com maior severidade e variabilidade entre as safras. Videira apresentou comportamento intermediário, com potencial de controle sob condições ambientais favoráveis. São Joaquim foi a localidade menos afetada, apresentando baixa incidência da doença e estabilidade entre os anos agrícolas. Os dados obtidos ressaltam a importância de estratégias de manejo específicas para cada ambiente e da seleção de cultivares com resistência estável como ferramenta no manejo integrado da podridão da uva madura. Recomenda-se a continuidade das avaliações com as variedades promissoras, visando sua inclusão em programas de melhoramento genético e adaptação regional.

Palavras-chave: *Colletotrichum* spp., variedades PIWI, interação genótipo $\times$ ambiente, melhoramento genético

ABSTRACT

Grapevine (*Vitis* spp.) is one of the most widely cultivated fruit crops worldwide; however, in southern Brazil, the humid climate favors the development of ripe rot, caused by *Colletotrichum* spp. This study evaluated the incidence and severity of the disease over three consecutive growing seasons (2018/2019, 2019/2020, and 2020/2021) in three locations in Santa Catarina State (Curitibanos, Videira, and São Joaquim), using 15 grapevine cultivars and six advanced selections. The cultivar Sauvignon Blanc was used as a reference standard. Climatic data were collected to assess correlations with disease progression, and statistical analysis was performed using the BLUP model to evaluate genotype $\times$ environment interactions. The results revealed significant differences in cultivar resistance to grape ripe rot. Souvignier Gris, GF.2004-043-0015, and Calardis Blanc consistently exhibited lower disease incidence, highlighting their potential for future breeding programs. Conversely, Cabernet Cortis, Baron, and Sauvignon Blanc showed higher susceptibility across all seasons and locations. Precipitation and relative humidity were identified as the main climatic factors associated with increased disease severity. Genotype $\times$ environment interaction played a key role in resistance expression, with some cultivars performing consistently across sites, while others were highly sensitive to environmental variation. Among the studied locations, Curitibanos was the most affected by the disease, exhibiting high variability and severity, suggesting the need for improved management strategies adapted to local conditions. Videira showed intermediate behavior, with disease levels highly dependent on seasonal climate. São Joaquim had the lowest disease incidence and minimal variation between seasons, indicating more favorable conditions for ripe rot management. Overall, the findings emphasize the need for site-specific management practices and the selection of stable, resistant cultivars as part of integrated disease management strategies. Continued evaluation of promising genotypes is recommended to support their potential inclusion in regional breeding and adaptation programs

Keywords: *Colletotrichum* spp., PIWI varieties, genotype $\times$ environment interaction, genetic improvement.

5.1 INTRODUÇÃO

A videira (*Vitis* spp.) é uma das frutíferas mais produzidas em todo o mundo e desempenha importante papel econômico e social (Garris; Clark, 2011). Na maior parte das regiões do sul do Brasil, o clima não é adequado ao cultivo de variedades de *Vitis vinifera*, cujas uvas se fazem os vinhos denominados finos. Ademais, tais condições climáticas favorecem o acometimento de diversas patologias nas variedades de *V. vinifera*. Dentre elas, a podridão da uva madura, que pode causar prejuízos significativos nos vinhedos, especialmente em anos de alta precipitação.

A podridão da uva madura (*Colletotrichum* spp.) é um dos principais entraves na produção vinífera no sul do Brasil. Apresenta sintomas facilmente detectáveis e que são observados nos cachos na fase de maturação ou em uvas colhidas, especialmente em condições de elevada umidade e de temperaturas entre os 25 e 35°C. O sintoma principal é o apodrecimento dos frutos maduros. Inicialmente aparecem manchas marrom-avermelhadas na superfície das bagas, as quais escurecem posteriormente. Por consequência, há redução na produtividade do vinhedo e efeito sobre a qualidade da uva e do vinho, pois diminui o teor de açúcar do mosto, aumenta a acidez volátil e o torna mais vulnerável à oxidação (Meneguzzo et al., 2006). Além disso, o fungo secreta substâncias prejudiciais à fermentação do mosto e ao desenvolvimento e maturação dos vinhos (Lima et al., 2009). Em condições de alta umidade é possível observar as estruturas reprodutivas do fungo na forma de pontuações cinza-escuras.

O melhoramento genético já desenvolveu variedades de *V. vinifera* com regiões genômicas de outras espécies do gênero, transferidas via cruzamentos e retrocruzamentos. Desta forma, dezenas de variedades, denominadas de PIWI, já estão em cultivo em distintos países e são parcialmente resistentes ao míldio e oídio. Essas novas variedades não apenas contribuem para a sustentabilidade do cultivo da videira, reduzindo a necessidade de aplicações de fungicidas, como também oferecem uma maior diversidade genética, o que é crucial para enfrentar os desafios impostos pelas mudanças climáticas e pelo aparecimento de novas doenças. Embora as variedades comerciais não apresentem resistência a podridão da uva madura, o gene resistência *Cgr1* à doença foi mapeado na espécie *V. amurensis* (Fu et al., 2019) e poderá ser utilizado no desenvolvimento de novas cultivares. Neste contexto, o desenvolvimento contínuo de variedades com resistência a múltiplas doenças é essencial para garantir a viabilidade econômica e ambiental da viticultura em longo prazo.

Com base no exposto, o objetivo deste trabalho é identificar e selecionar variedades ou seleções que apresentem o maior grau de resistência à podridão da uva para fins de melhoramento genético.

5.2 METODOLOGIA

5.2.1 Localização dos ensaios a campo

O experimento foi conduzido em três localidades do estado de Santa Catarina, durante três safras consecutivas (2018/2019, 2019/2020 e 2020/2021):

1. Curitibanos-SC, na Área Experimental Agropecuária da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Campus de Curitibanos (27°27'36" S, 50°50'31" W; 1110 m de altitude). O clima local é classificado como Cfb segundo Köppen, caracterizado como temperado úmido, sem estação seca e com verões amenos (Alvares et al., 2013);
2. Videira-SC, na Estação Experimental de Videira da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI) (27°00' S, 51°09' W; 840 m de altitude). A classificação climática de Köppen é Cfb, correspondente a clima mesotérmico úmido, com verões amenos;
3. São Joaquim-SC, sob responsabilidade da EPAGRI, com vinhedo localizado na Vinícola Suzin, a aproximadamente 20 km do centro do município (28°13'59" S, 50°04'13.80" W; 1110 m de altitude). O clima também é classificado como Cfb, segundo Köppen, com características de clima temperado úmido e verões amenos (Figura 1).

A introdução inicial das variedades PIWI ocorreu em 2015, com o estabelecimento de nove variedades e duas seleções em vinhedos implantados nas três localidades experimentais. A segunda introdução foi realizada em 2017, com cinco variedades e quatro novas seleções, todas enxertadas sobre o porta-enxerto 'Paulsen 1103'. A cultivar 'Sauvignon Blanc' foi utilizada como variedade testemunha nos três locais.

As intervenções fitossanitárias voltadas ao controle de fitopatógenos foram padronizadas e conduzidas de forma uniforme nos três ambientes experimentais, conforme descrito no Apêndice A.

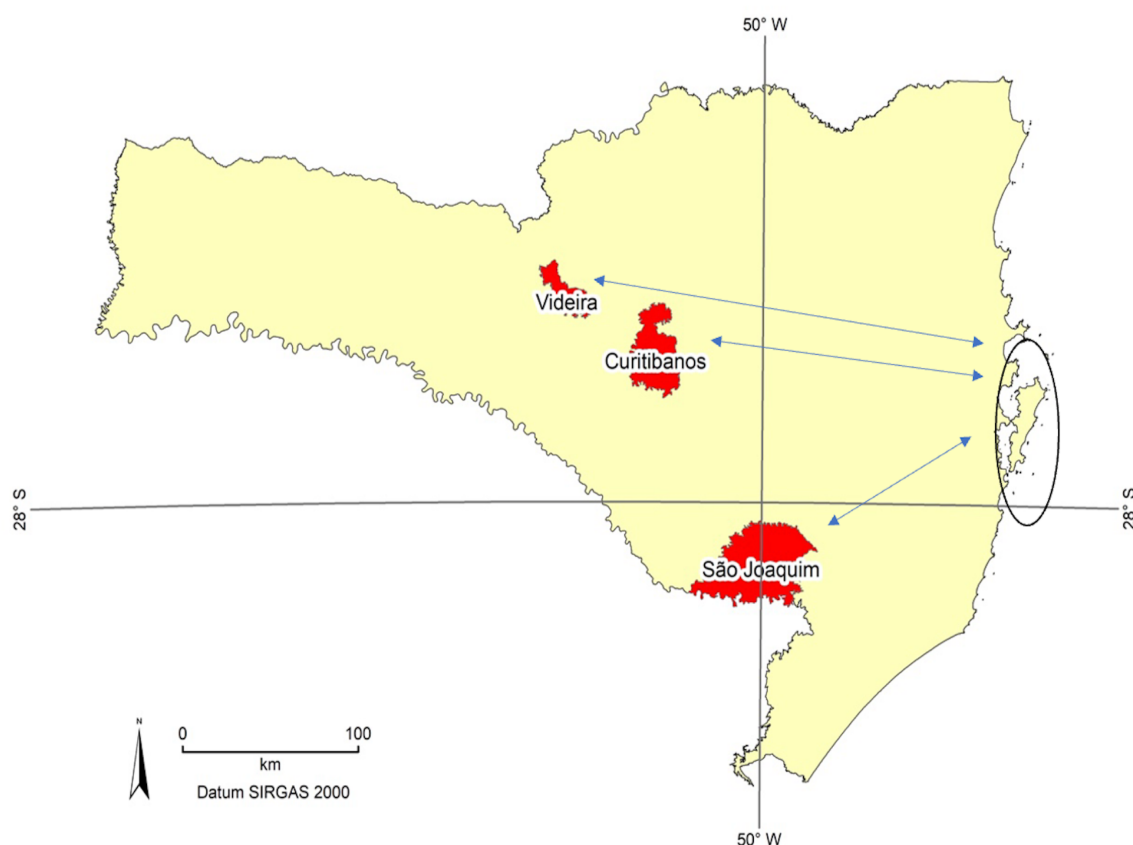


Figura 1. Localização do experimento na Cidade de Videira, Curitibanos e São Joaquim, no estado de Santa Catarina e suas respectivas distâncias de Florianópolis, 415, 325 e 235 km.

5.2.2 Variedades e seleções usadas no presente estudo

As variedades e seleções, acompanhadas do obtentor e a genealogia, utilizadas no presente estudo, estão disponibilizadas na Tabela 1. Todas as variedades PIWI são oriundas de retrocruzamento modificado, com mais de 90% de genoma de *V. vinifera* (Dias et al., 2022).

Tabela 1 . Descrição dos genótipos avaliados quanto à resposta à infecção por podridão da uva madura no Sul do Brasil.

Variedade	Genealogia	Locos com alelos de Resistência(i) ¹	Cor	Origem
Aromera	Eger 2 x MusKat Ottonel	<i>Rpv3.1</i>	Branca	InnoVitis
Baron	Bronner x Cabernet Sauvignon	<i>Rpv10, Rpv3.3</i>	Preta	WBI
Bronner	Merzling x Geisenheim 6494	<i>Ren3, Ren9, Rpv10, Rpv3.3</i>	Branca	WBI
Cabernet Cantor	Chancellor x Solaris	<i>Ren3, Ren9, Rpv10, Rpv3.1, Rpv3.3</i>	Preta	WBI
Cabernet Carbon	Cabernet Sauvignon x Bronner	<i>Rpv10</i>	Preta	WBI
Cabernet Cortis	Cabernet Sauvignon x Solaris	<i>Ren3, Ren9, Rpv10, Rpv3.3</i>	Preta	WBI
Calandro	Domina x Regent	<i>Ren3, Ren9, Rpv3.1</i>	Preta	JKI
Calardis Blanc	Calardis Musque x Seyve Villard 39-639	<i>Ren3, Ren9, Rpv3.1, Rpv3.2</i>	Branca	JKI
Felicia	Sirius x Vidal Blanc	<i>Ren3, Ren9, Rpv3.1, Rpv3.3</i>	Branca	JKI

Gf.2004-043-0004	Advanced breeding line	<i>Run1, Ren3, Ren9, Rpv1, Rpv3.1</i>	Branca	JKI
Gf.2004-043-0010	Advanced breeding line	<i>Run1, Ren3, Ren9, Rpv1, Rpv3.1</i>	Preta	JKI
Gf.2004-043-0013	Advanced breeding line	<i>Run1, Ren3, Ren9, Rpv1, Rpv3.1</i>	Preta	JKI
Gf.2004-043-0015	Advanced breeding line	<i>Run1, Ren3, Rpv3.1, Rpv1</i>	Branca	JKI
Gf.2004-043-0021	Advanced breeding line	<i>Run1, Ren3, Ren9, Rpv1, Rpv3.1</i>	Preta	JKI
Gf.2004-043-0024	Advanced breeding line	<i>Run1, Ren3, Rpv1, Rpv3.1</i>	Branca	JKI
Helios	Merzling x FR-986-60	<i>Ren3, Ren9, Rpv3.1</i>	Branca	WBI
Johanniter	Riesling Weiss x Freiburg 589-54	<i>Ren3, Ren9, Rpv3.1</i>	Branca	WBI
Prior	Freiburg 4-61 x Freiburg 236-75R	<i>Ren3, Ren9, Rpv3.1, Rpv3.3</i>	Preta	WBI
Regent	Diana x Chambourcin	<i>Ren3, Ren9, Rpv3.1</i>	Preta	JKI
Souvignier Gris	Cabernet Sauvignon x Bronner	<i>Ren3, Ren9, Rpv3.2</i>	Rosada	WBI
Sauvignon Blanc			Branca	

Resistance Loci1 - *Rpv* - Resistance to *Plasmopara viticola*, Ren – Resistance to *Erysiphe Necator*, Run – Resistance to *Uncinula necator*. InnoVitis, Italy; JKI - Julius Kühn Institut, Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof, Germany; WBI - Staatliches Weinbauinstitut Freiburg, Germany. Sources: Maul et al., (2020).

5.2.3 Dados Meteorológicos

O monitoramento climático foi realizado periodicamente, com a coleta de valores dos elementos do clima. Esses dados foram obtidos em cada estação meteorológica da Epagri/CIRAM (Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina/Centro de Informações de Recursos Ambientais e de Hidrometeorologia de Santa Catarina), instalada ao lado dos vinhedos em cada localidade (Epagri, 2020). As estações utilizadas foram: Curitiba - 1505, Videira - 1016 e São Joaquim - 1049. Em caso de falha na estação, foi utilizada a mais próxima, sendo Curitiba – 1026 e São Joaquim – 1049. Os dados registrados destas variáveis foram obtidos diretamente do site: www.ciram.epagri.sc.gov.br/agroconnect. Os valores dos elementos climáticos de temperatura do ar média, máxima, mínima (°C), precipitação pluviométrica (mm), umidade relativa do ar média (%) e amplitude térmica (°C) foram avaliados segundo a Organização Mundial de Meteorologia (OMM).

5.2.4 Avaliação da podridão

5.2.4.1 Avaliação da podridão da uva madura no momento da colheita (*Colletotrichum* spp.)

As avaliações da podridão da uva madura (*Colletotrichum* spp.), em cada vinhedo, foram realizadas no momento da colheita de cada variedade em três safras (2018/2019, 2019/2020 e 2020/2021). Foram avaliadas a incidência e a severidade da doença. Para severidade, foram escolhidas duas plantas aleatoriamente de cada um dos cinco blocos em cada vinhedo, sendo avaliado conforme a escala diagramática para avaliação da podridão em cachos de videira (Figura 2) proposto por Hill et al., (2010). Vale ressaltar, que esta escala foi desenvolvida para avaliações de podridões em geral (podridão amarga, podridão cinzenta,

podridão da uva madura), sendo assim adaptada diretamente para a Podridão da uva madura. Nem sempre os valores utilizados foram as porcentagens descritas na escala, sendo utilizado valores intermediários de acordo com a condição real do cacho a campo (por exemplo: 0,5%, 3%, 7%).

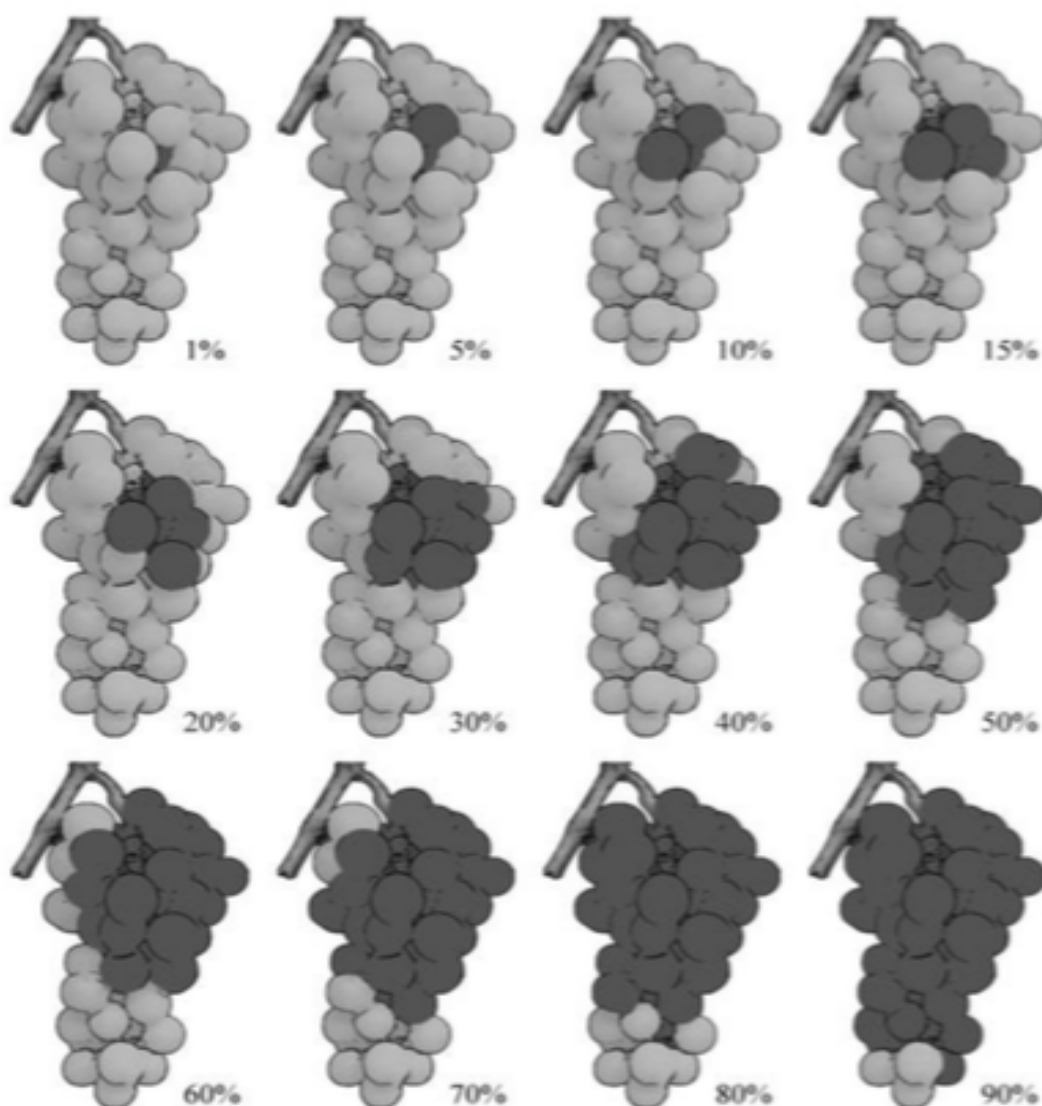


Figura 2. Escala diagramática utilizada para avaliação da podridão em cachos de videira proposto por Hill et al. (2010), adaptada para a podridão da uva madura.

Para incidência, nestas mesmas plantas, foram contabilizados o número total de cachos e o número de cachos com sintomas, para cômputo da percentagem de cachos afetados. As mesmas plantas foram avaliadas nas três safras. O mesmo procedimento foi realizado nas três unidades avaliadas.

5.2.5 Delineamento de tratamentos e Análise estatística

O delineamento de tratamentos consistiu em um trifatorial: locais (Videira, Curitiba e São Joaquim); genótipos (sendo 15 variedades e seis seleções avançadas) e safras (2018/2019, 2019/2020 e 2020/2021) (Tabela 1).

As parcelas dentro de cada um dos cinco blocos foram estabelecidas aleatoriamente. Além disso, na avaliação da severidade foram utilizadas avaliações em duas plantas, sendo cinco cachos/plantas. Já para incidência, foram avaliadas as dez plantas do bloco, contabilizados a quantidade de cachos na planta e a quantidade de cachos com doença e feito uma porcentagem.

Os parâmetros epidemiológicos foram submetidos ao teste $F_{\max}$ para verificar a heterogeneidade das variâncias (S^2). O delineamento experimental utilizado foi modelo misto aleatório, aninhado, considerando as interações, principal, duplas, triplas e o efeito do bloco/local, sendo desbalanceado, e considerando somente a interseção como efeito fixo (Variedade).

O procedimento utilizado para a predição de valores genéticos para a incidência e severidade da podridão da uva madura foi o BLUP (melhor predição linear não viesada), utilizando estimativas de componentes de variância dos fatores aleatórios, exceto a interseção, obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Neste modelo, os valores de BLUP representam os desvios da média promovidos pelo efeito do ambiente e da interação genótipo ambiente. As estimativas dos valores de BLUP e a realização da Renova foram obtidas com o uso do R Studio. A significância (sensibilidade) da interação genótipo x ambiente foi verificada através do espaço de inferência pelo comando ESTIMATE, proposto por McLean et al. (1991). Os gráficos de interseção e de clima foram elaborados através do software GraphPad Prism 8 (Mitteer et al., 2020).

5.3 RESULTADOS

5.3.1 Incidência

A incidência da podridão da uva madura foi observada nas três safras, em todas as localidades e em todos os genótipos avaliados (Figura 3). Embora a doença tenha ocorrido em todos os ciclos produtivos, a safra de 2019/2020 apresentou menor intensidade da doença em comparação às safras de 2018/2019 e 2020/2021, nos três ambientes experimentais.

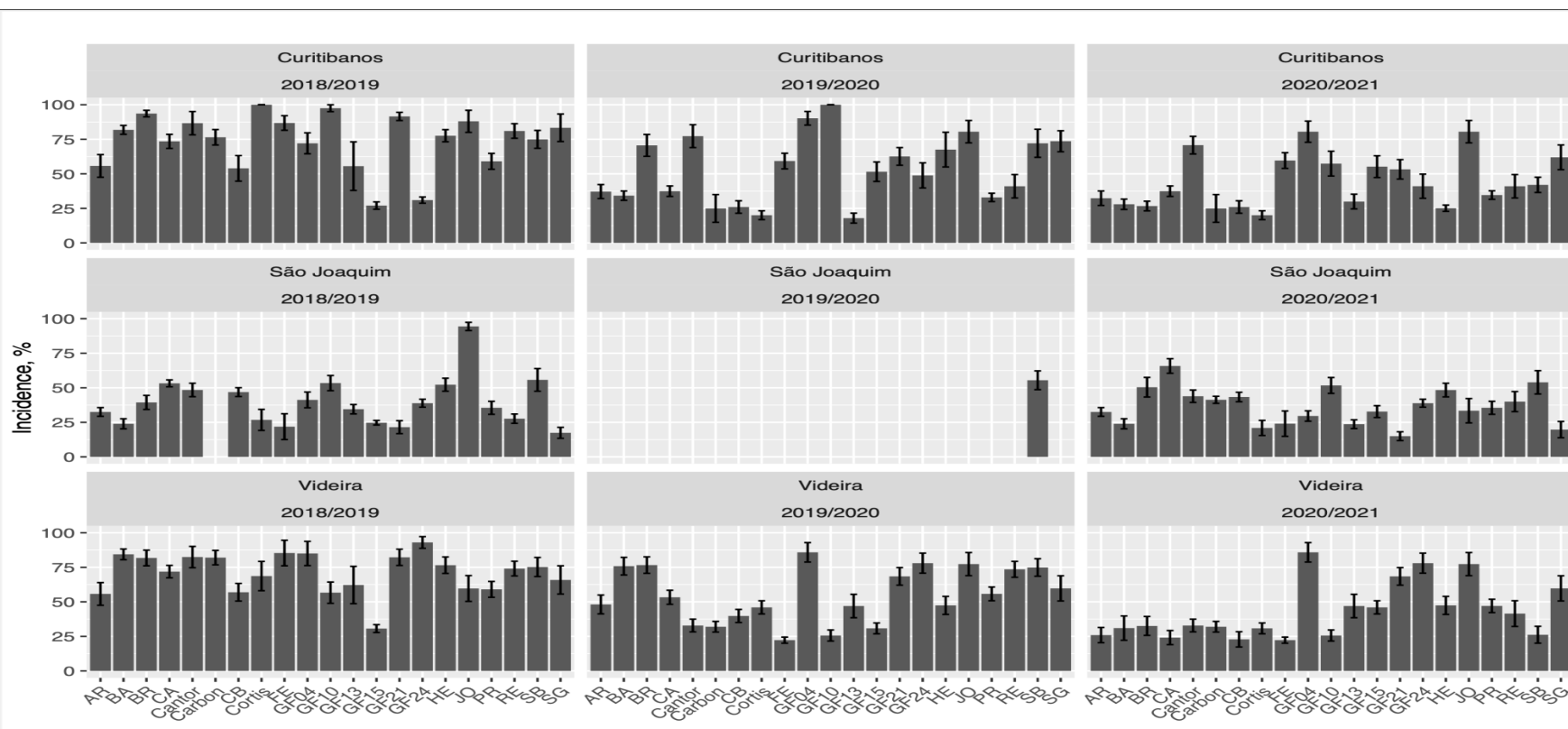


Figura 3. Médias da incidência da podridão da uva madura nas diferentes localidades e safras. As barras no topo das colunas representam o desvio padrão da média. Legenda: AR - Romera, BA- Baron, BR - Bronner, CA - Calandro, Cantor - Cabernet Cantor, CB - Calardis Blanc, Cortis - Cabernet Cortis, FE -Felicia, GF04 - GF.2004-043-0004, GF10 - GF.2004-043-0010, GF13 - GF.2004-043-0013, GF15 - GF.2004-043-0015, GF21 - GF.2004-043-0021, GF24 - GF.2004-043-0024, HE - Helios, JO - Johanitter, PR - Prior, RE - Regent, SB - Sauvignon Blanc, SG - Sauvignier Gris.

A incidência da podridão da uva madura variou entre os ambientes experimentais ao longo das três safras avaliadas (Figura 3). Em São Joaquim, foi constatada a menor intensidade da doença na maioria das avaliações, com exceção da variedade Johanner (JO), que apresentou comportamento distinto. Na safra 2018/2019, os vinhedos localizados em Curitiba e Videira apresentaram maior incidência da doença em comparação a São Joaquim, possivelmente em função de condições microclimáticas mais favoráveis à infecção por *Colletotrichum* spp., como maior umidade relativa e menor amplitude térmica.

Durante a safra 2019/2020, a ocorrência de três geadas consecutivas em São Joaquim comprometeu severamente o rebrote das videiras, inviabilizando a avaliação da maioria dos genótipos, com exceção da variedade testemunha Sauvignon Blanc (SB), que demonstrou maior resiliência ao estresse térmico. Nas demais localidades (Curitiba e Videira), a incidência manteve-se em níveis semelhantes aos do ciclo anterior, sugerindo estabilidade nas condições edafoclimáticas e na eficácia das práticas de manejo fitossanitário adotadas.

Na safra 2020/2021, São Joaquim novamente apresentou os menores níveis de incidência entre os locais, reforçando o papel das condições climáticas locais — caracterizadas por menor umidade noturna e maior altitude — como fator limitante ao progresso da doença. Em Videira, os dados indicaram leve incremento na severidade da podridão em 2020/2021, embora o desvio padrão permaneça baixo, demonstrando consistência entre repetições. Essa estabilidade sugere que o manejo fitossanitário adotado (Apêndice A), aliado à escolha do porta-enxerto e das variedades PIWI, contribuiu para a manutenção da doença em níveis moderados ao longo das safras avaliadas (Figuras 3 e 4).

Em São Joaquim, ocorreu variação expressiva na incidência da podridão da uva madura entre as safras avaliadas. O elevado desvio padrão indica alta variabilidade entre os blocos experimentais. Em 2019/2020, a incidência da doença foi significativamente reduzida, o que pode ser atribuído a fatores como menor pressão ambiental para infecção ou maior eficiência nas práticas de manejo. Essa estabilidade também se reflete na redução da variabilidade entre repetições. Já na safra 2020/2021, a doença voltou a apresentar incremento, embora inferior ao de 2018/2019, sugerindo que a localidade continua vulnerável em anos com condições climáticas favoráveis (Figura 4). A oscilação interanual na severidade da doença em São Joaquim evidencia a necessidade de estratégias de manejo fitossanitário mais robustas e adaptadas às variações sazonais.

A interação genótipo $\times$ ambiente constitui um fator determinante na variabilidade observada na incidência da podridão da uva madura entre os diferentes anos agrícolas e locais avaliados (Figura 4). Variações nas condições climáticas — como índices elevados de umidade relativa, temperatura média moderada e ocorrência de chuvas próximas à maturação — são reconhecidamente favoráveis ao desenvolvimento de doenças fúngicas, especialmente aquelas causadas por espécies do gênero *Colletotrichum* (Figuras 7, 8 e 9). A resposta diferencial entre os genótipos testados também influencia diretamente os níveis de severidade, uma vez que determinados materiais genéticos apresentam maior resistência ou suscetibilidade ao patógeno.

Os elevados níveis de incidência registrados em Curitiba, especialmente na safra 2018/2019, indicam que as condições microclimáticas desse ambiente — particularmente a elevada umidade e o regime térmico — são altamente propícias ao progresso da doença (Figuras 3 e 7). A redução na incidência observada em 2019/2020 pode refletir condições climáticas menos favoráveis ao patógeno ou maior eficácia nas estratégias de manejo empregadas. De forma semelhante, a ampla variabilidade interanual registrada em São Joaquim também reforça o papel das condições ambientais na epidemiologia da podridão da uva madura. Em contraste, Videira apresentou menor flutuação nos níveis de incidência entre as safras, sugerindo maior estabilidade climática e/ou melhor desempenho das medidas de controle adotadas. Esses resultados evidenciam a importância da adoção de estratégias de manejo integradas e adaptadas às características específicas de cada ambiente de cultivo, considerando a suscetibilidade varietal e os fatores predisponentes à doença.

Os valores de BLUPs (Best Linear Unbiased Predictors) indicaram que a maioria das variedades avaliadas apresentou efeitos significativos da interação genótipo $\times$ ambiente sobre a incidência da podridão da uva madura (Figura 4), independentemente da localidade e da safra de avaliação. Essa interação ressalta a complexidade da resposta dos genótipos em diferentes condições edafoclimáticas, influenciando diretamente o desempenho fitossanitário das cultivares.

Efeitos positivos expressivos da interação genótipo $\times$ ambiente, com magnitudes superiores a 20, foram observados para as variedades ‘Helios’ (safra 2019/2020) e Cabernet Cortis (safra 2018/2019), ambas cultivadas em Curitiba, evidenciando maior contribuição dessas interações para o aumento da incidência da doença. Efeitos positivos moderados (magnitudes entre 10 e 20) foram verificados para Aromera em Curitiba (2019/2020), Sauvignon Blanc nas safras de 2018/2019 e 2020/2021 em Curitiba, e Cabernet Cortis nas

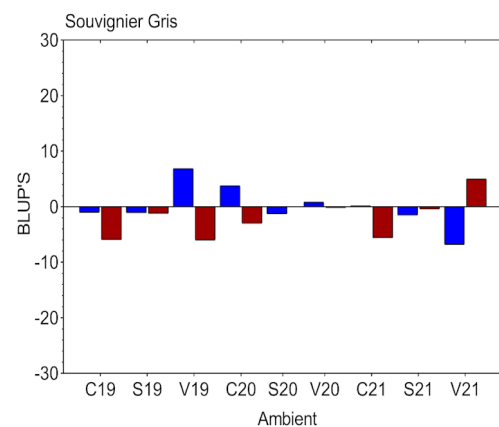
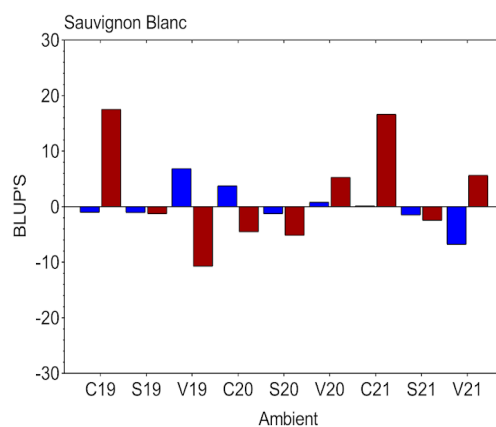
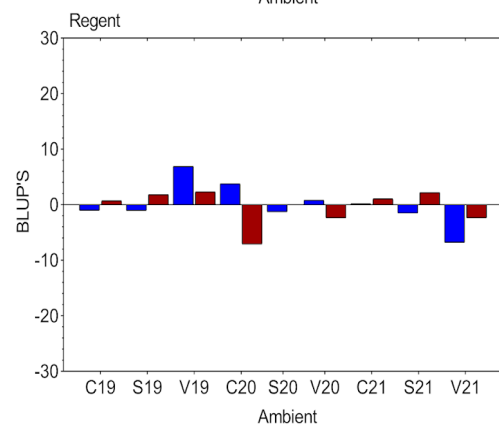
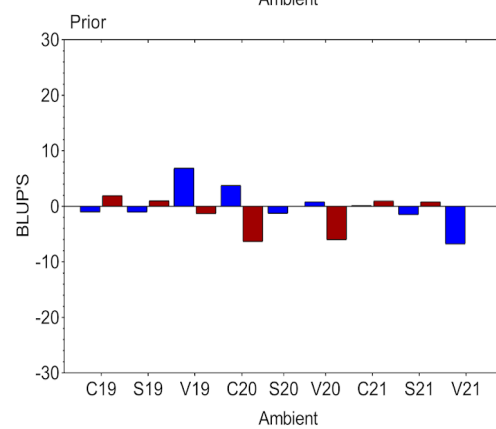
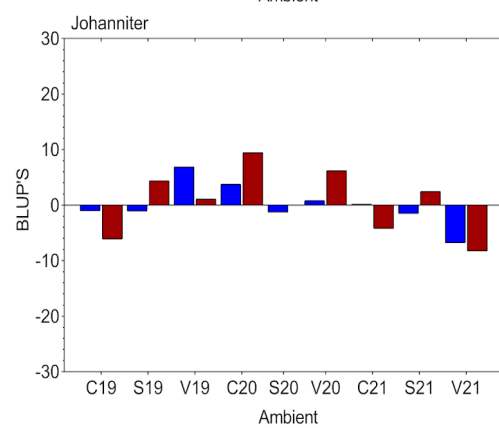
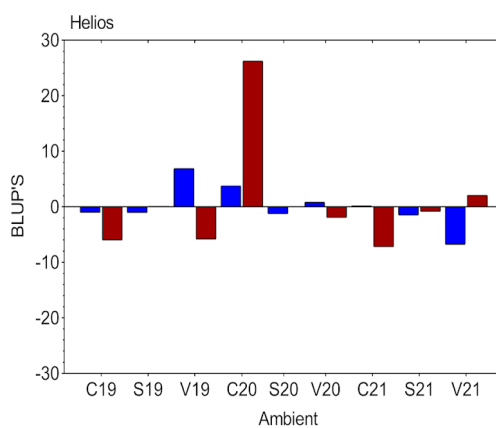
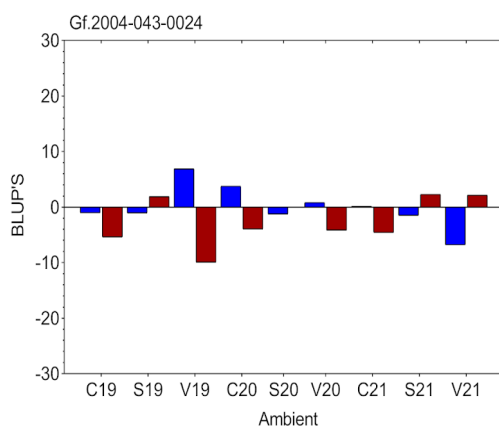
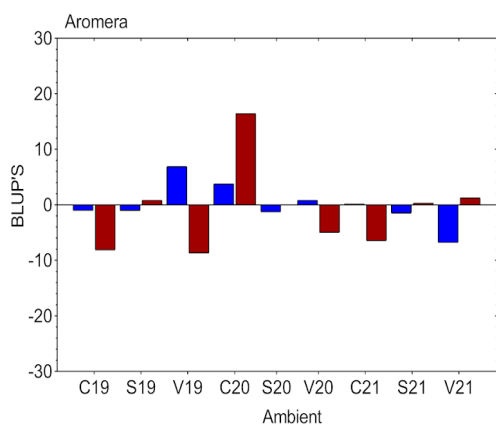
safras 2018/2019 e 2019/2020 em Videira, bem como em 2020/2021 novamente em Curitibaanos.

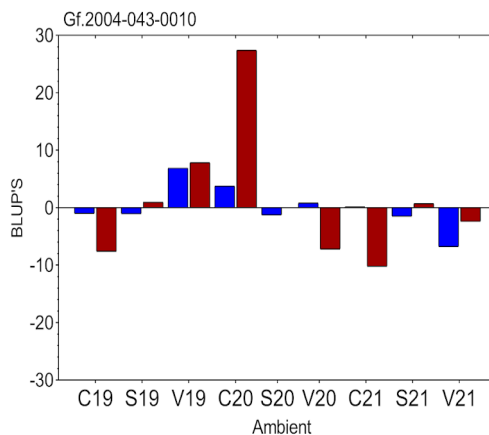
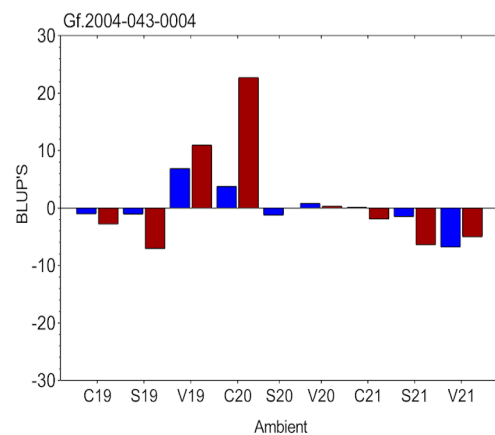
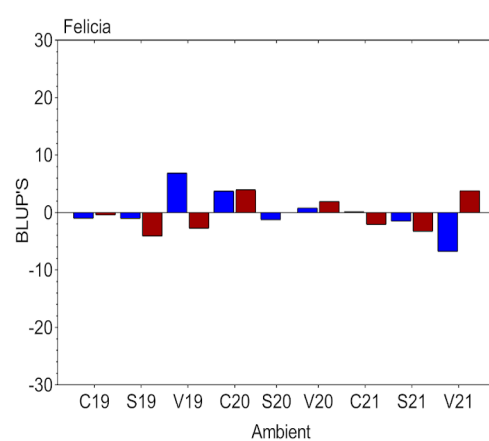
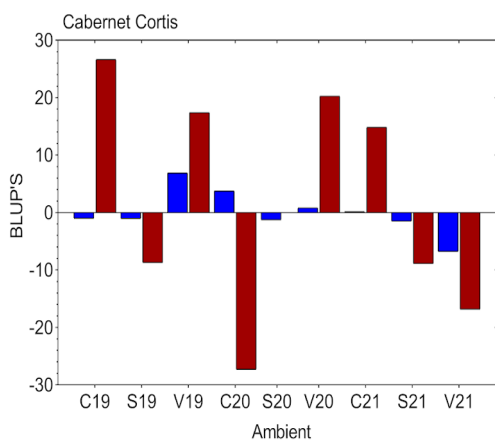
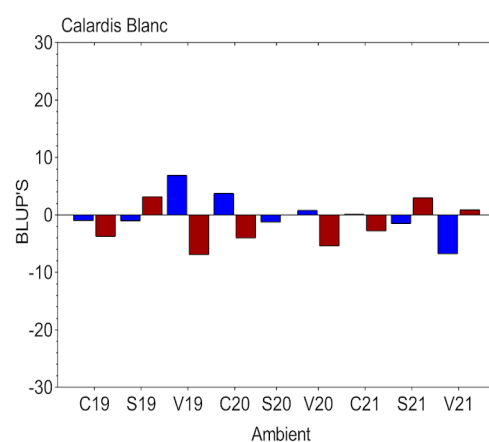
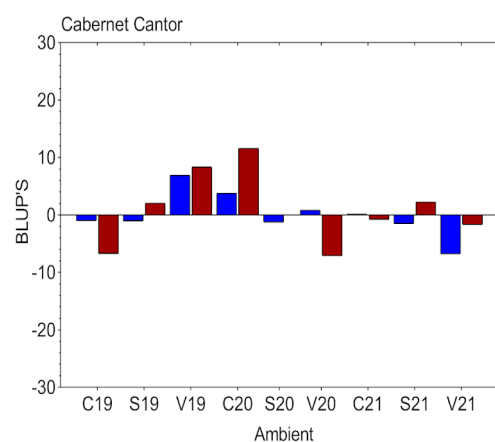
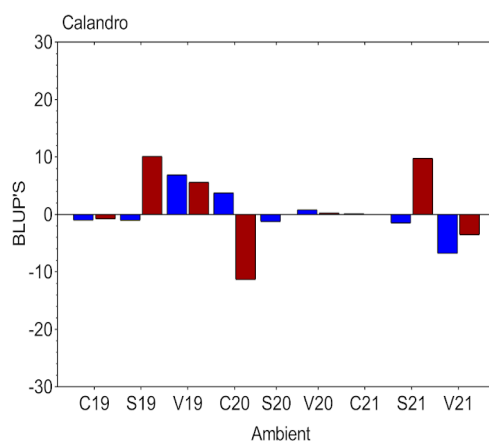
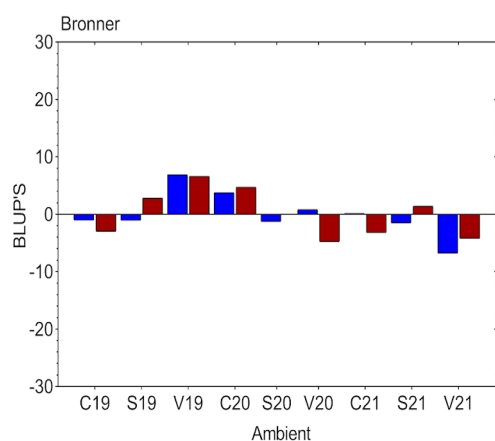
Entre as seleções avançadas, os genótipos GF.2004-043-0004, GF.2004-043-0010 e GF.2004-043-0021 apresentaram os maiores efeitos positivos da interação genótipo $\times$ ambiente. A seleção GF.2004-043-0004 possui bagas de cor branca, enquanto as demais apresentam coloração escura. Todas essas seleções foram desenvolvidas pelo Julius Kühn-Institut (JKI, Alemanha) e compartilham cinco locos associados à resistência a míldio e oídio.

Entre os efeitos negativos mais relevantes da interação genótipo $\times$ ambiente, destaca-se Cabernet Cortis em Curitibaanos na safra 2019/2020, seguida por efeitos negativos de menor magnitude para essa mesma variedade em Videira (2020/2021) e para Cabernet Carbon em Curitibaanos (2019/2020).

Durante a safra de 2018/2019, no vinhedo de Videira, o efeito ambiental foi positivo para todas as variedades e seleções testadas, embora com magnitudes reduzidas. Nesse contexto, as variedades Bronner, Calandro, Cabernet Cantor, Cabernet Carbon e as seleções GF.2004-043-0004, GF.2004-043-0010, GF.2004-043-0013 e GF.2004-043-0021 apresentaram sinergia entre o efeito ambiental e a interação genótipo $\times$ ambiente, resultando em maior suscetibilidade à podridão da uva madura.

Os resultados obtidos a partir da análise de verossimilhança, que integrou os efeitos ambientais e a interação genótipo $\times$ ambiente, com base nos valores preditos (BLUPs), permitiram a identificação dos ambientes de cultivo nos quais determinados genótipos apresentam maior ou menor suscetibilidade à incidência da podridão da uva madura. Essa abordagem estatística contribui para a recomendação de cultivares mais adaptadas a condições específicas, auxiliando na definição de estratégias regionais de manejo fitossanitário e no direcionamento de programas de melhoramento genético voltados à resistência a doenças.





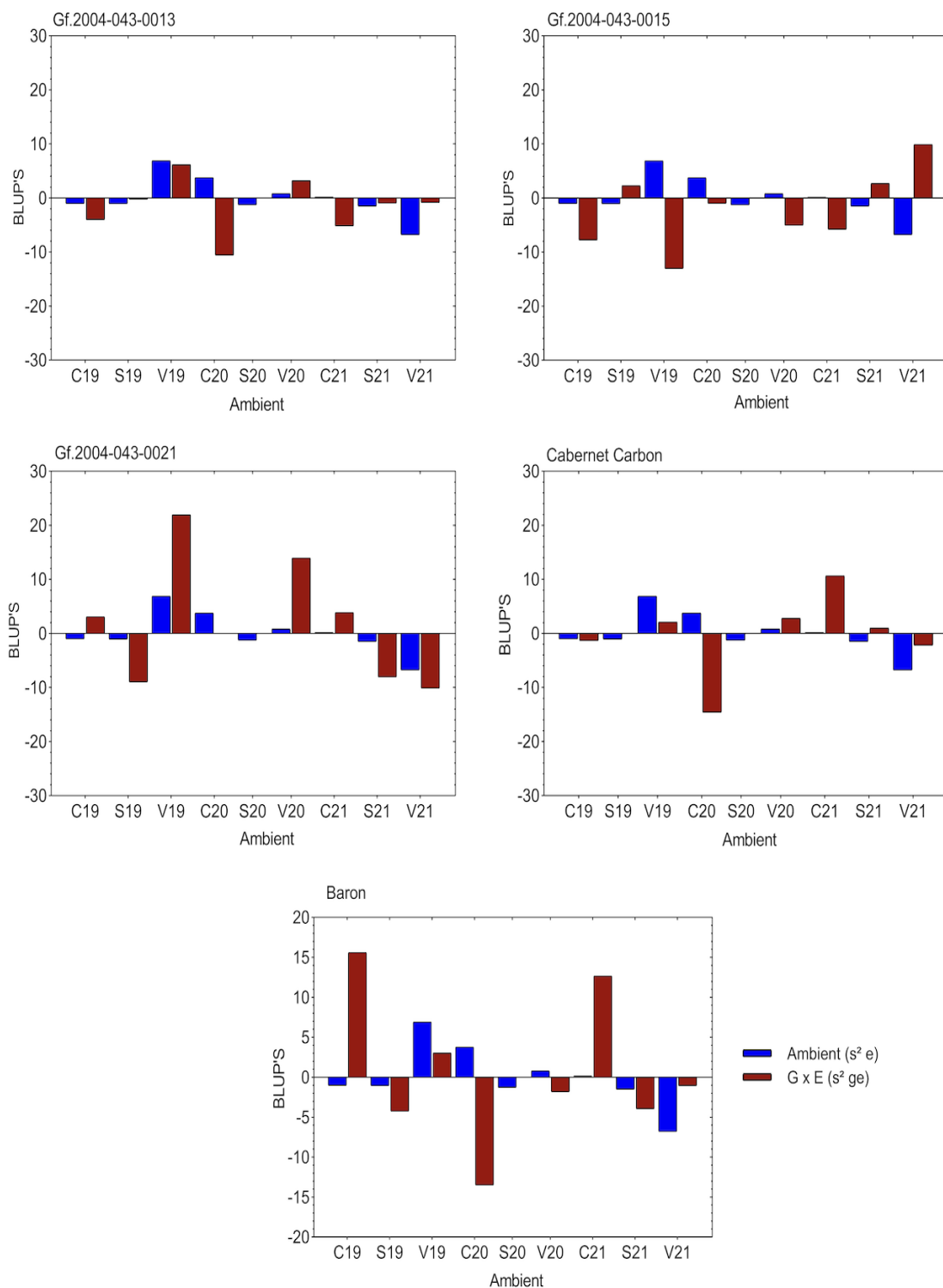


Figura 4. BLUP's considerando a Interceção para avaliação de incidência da podridão da uva madura. C = Curitibanos, S = São Joaquim, V = Videira, 19, 20 e 21 correspondem às safras, 2018/2019, 2019/2020 e 2020/2021, respectivamente. Azul = Ambiente, Vermelho = Genótipo x ambiente.

5.3.2 Severidade

De maneira semelhante ao observado para a incidência, o vinhedo localizado em Curitiba apresentou as maiores médias de severidade da podridão da uva madura entre as três localidades avaliadas. Algumas cultivares atingiram níveis superiores a 50% de severidade, evidenciando a elevada pressão da doença nesse ambiente. A ampla variação entre os genótipos avaliados reforça a existência de diferenças significativas quanto à suscetibilidade varietal ao patógeno sob as condições edafoclimáticas dessa localidade.

Em São Joaquim, os níveis de severidade foram moderados, com a maioria das variedades variando entre 10% e 30%. Embora a doença esteja presente, a expressão da severidade foi mais branda, possivelmente devido às condições climáticas menos favoráveis ao patógeno ou à maior eficácia das práticas de manejo adotadas. Em Videira, a severidade média foi similar à de São Joaquim, situando-se majoritariamente na faixa de 10% a 30%, o que sugere condições ambientais intermediárias e estabilidade nas estratégias de controle (Figura 5).

Na Figura 6, cada ponto representa uma variedade específica de videira, conforme a legenda. Em Curitiba, a cultivar Cabernet Cortis apresentou os maiores índices de severidade (>50%), seguida por Felicia (FE) e a seleção GF04, que também se destacaram negativamente. Em São Joaquim, a distribuição da severidade foi mais equilibrada entre os genótipos, embora Calandro (CA) e Johanniter (JO) tenham demonstrado maior sensibilidade. Já em Videira, observou-se menor concentração de variedades com alta severidade, destacando-se Cabernet Carbon e GF21 como os genótipos mais afetados, enquanto a maioria das cultivares manteve baixos níveis de severidade da doença (Figura 5).

Em Curitiba, a podridão da uva madura apresentou o maior grau de severidade entre os três ambientes avaliados, sobretudo na safra 2018/2019, quando as condições ambientais se mostraram altamente favoráveis ao progresso da doença (Figura 5). O desvio padrão elevado reforça a ocorrência de grande variabilidade fenotípica para a resistência nos genótipos avaliados. Em 2019/2020, houve redução acentuada da incidência, possivelmente devido à menor umidade durante o período crítico ou à adoção de práticas de manejo mais eficientes. Essa tendência também foi acompanhada por menor variabilidade entre repetições. No entanto, em 2020/2021, observou-se novo aumento da severidade em alguns genótipos, embora em menor magnitude que em 2018/2019. Os dados sugerem que Curitiba apresenta elevada suscetibilidade ambiental ao desenvolvimento da podridão da uva madura, especialmente em

anos com condições favoráveis ao patógeno. A grande variabilidade interanual reforça a necessidade de medidas de manejo direcionadas à mitigação do impacto da doença, com atenção à seleção de cultivares e à antecipação de medidas preventivas baseadas em previsão climática.

Na safra 2018/2019, a severidade média da podridão da uva madura foi relativamente estável, com a maioria das cultivares apresentando valores entre 10% e 30% (Figura 5). Algumas variedades, como GF21 (preto) e Calardis Blanc, destacaram-se com níveis mais elevados, próximos a 40%. Em 2019/2020, observou-se maior amplitude nos valores de severidade, com diversos genótipos ultrapassando 40%, o que indica que as condições edafoclimáticas dessa safra foram mais favoráveis ao desenvolvimento do patógeno. Já em 2020/2021, os níveis médios de severidade voltaram a se concentrar entre 10% e 30%, com menor número de variedades apresentando sintomas severos, sugerindo maior eficácia das estratégias de manejo adotadas e/ou condições ambientais menos favoráveis ao ciclo epidemiológico da doença.

Entre os genótipos avaliados, GF21 e Cabernet Cortis destacaram-se como os mais afetados em 2018/2019, com severidade significativamente superior às demais. Variedades como GF13, GF15 e GF21, apresentaram severidade moderada e relativa estabilidade ao longo das três safras. Cabernet Cantor e Cabernet Cortis mantiveram níveis consistentes entre 20% e 30%, sem grandes oscilações interanuais.

A safra 2019/2020 apresentou os maiores valores médios de severidade entre os anos avaliados, com diversos genótipos registrando picos elevados. Essa tendência sugere uma combinação de fatores favoráveis ao patógeno, como elevada umidade relativa e temperaturas moderadas, que intensificaram a progressão da doença. Em contrapartida, a safra 2020/2021 foi marcada por menores valores médios e menor variabilidade, reforçando a hipótese de condições menos propícias ao patógeno ou melhorias no controle fitossanitário.

Os dados de severidade média por genótipo (Figuras 5 e 6) também evidenciaram ampla variabilidade intraespecífica, corroborada pelos valores de desvio padrão observados entre repetições. Essa variabilidade reflete tanto a diferença de comportamento entre os genótipos quanto a influência dos microambientes experimentais.

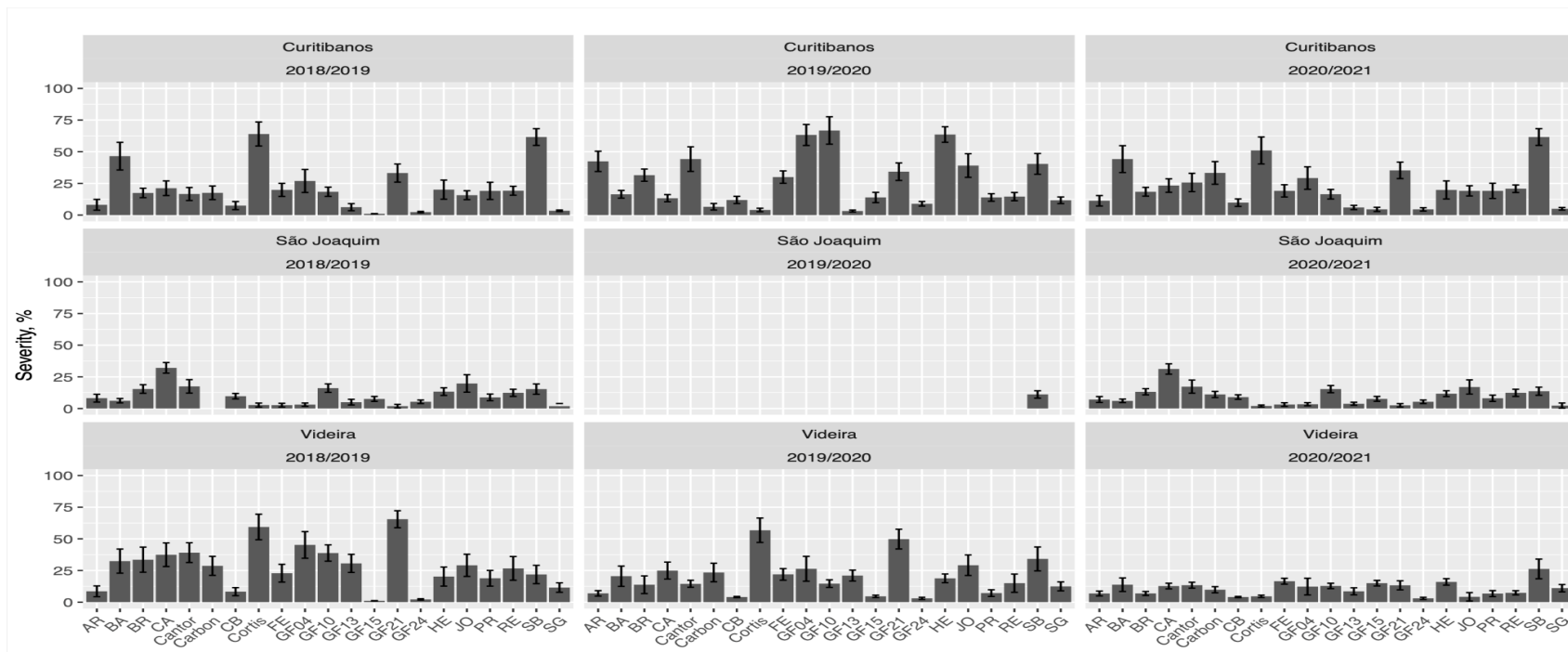


Figura 5. Média da severidade da podridão da uva madura nas variedades e seleções de videira cultivadas nas localidades de Curitibanos, São Joaquim e Videira, nas safras de 2018/2019, 2019/2020 e 2020/2021. Legenda: AR - Romera, BA- Baron, BR - Bronner, CA - Calandro, Cantor - Cabernet Cantor, CB - Calardis Blanc, Cortis - Cabernet Cortis, FE -Felicia, GF04 - GF.2004-043-0004, GF10 - GF.2004-043-0010, GF13 - GF.2004-043-0013, GF15 - GF.2004-043-0015, GF21 - GF.2004-043-0021, GF24 - GF.2004-043-0024, HE - Helios, JO - Johanitter, PR - Prior, RE - Regent, SB - Sauvignon Blanc, SG - Souvignier Gris.

A Figura 5 apresenta a média da severidade (%) da podridão da uva madura para as variedades e seleções de videira avaliadas nos municípios de Curitiba, São Joaquim e Videira, ao longo das safras de 2018/2019, 2019/2020 e 2020/2021. Em Curitiba, durante a safra de 2018/2019, os genótipos Cabernet Cortis e Sauvignon Blanc destacaram-se com os maiores níveis de severidade, ultrapassando 60%. Outros materiais, como GF.2004-043-0021 e a variedade Baron, também apresentaram severidade elevada (>25%). Parte das cultivares avaliadas apresentou severidade intermediária, entre 10% e 25%. Na safra seguinte (2019/2020), observou-se redução geral da severidade, com exceção de genótipos como GF.2004-043-0004, GF.2004-043-0010 e Helios, que mantiveram valores mais elevados, ainda que inferiores a 50%. Em 2020/2021, houve nova elevação da severidade, especialmente em Cabernet Cortis e Sauvignon Blanc, que voltaram a apresentar níveis moderados a altos, enquanto Sauvignier Gris e GF.2004-043-0015 permaneceram com baixos níveis de severidade.

Em São Joaquim, os valores médios de severidade da podridão da uva madura foram predominantemente baixos em todas as safras. Em 2018/2019, a maioria das variedades apresentou severidade classificada como baixa a moderada, com Calandro e Johanniter entre os genótipos mais afetados, embora os níveis tenham permanecido abaixo de 50%. Em 2019/2020, a severidade continuou baixa para a maioria das cultivares, exceto por GF.2004-043-0004, que exibiu valores mais elevados. Já em 2020/2021, o padrão permaneceu semelhante ao de 2018/2019, com destaque novamente para Calandro e Johanniter, que apresentaram leve incremento nos sintomas, porém sem atingir valores críticos.

Em Videira, os níveis de severidade variaram de forma mais moderada entre os ciclos. Em 2018/2019, os valores estiveram majoritariamente entre 25% e 50%, com as variedades Aromera (AR), Calardis Blanc, GF.2004-043-0015, GF.2004-043-0024 e GF.2004-043-0013 apresentando severidade inferior a 15%. Em 2019/2020, poucas alterações foram observadas, com Calardis Blanc, GF.2004-043-0015 e GF.2004-043-0024 mantendo níveis similares aos de Prior' e Aromera. Na safra de 2020/2021, a severidade da podridão manteve-se estável e baixa, com a maioria das cultivares registrando menos de 20%, evidenciando boa adaptação varietal e/ou efetividade das práticas de manejo nessa localidade.

A comparação entre as localidades evidencia que Curitiba apresentou, de forma consistente, os maiores índices de severidade da podridão da uva madura, com destaque para

as variedades Cabernet Cortis, Sauvignon Blanc e Baron. Esses resultados sugerem que as condições edafoclimáticas dessa região favorecem a infecção e o desenvolvimento do patógeno, além de indicarem possíveis limitações na eficácia das práticas de manejo adotadas. Em São Joaquim, a severidade foi sistematicamente inferior às demais localidades, embora algumas variedades, como Calandro, GF.2004-043-0010 e Johanniter, tenham demonstrado sensibilidade ao patógeno. A baixa severidade observada na maioria das cultivares sugere que, além das condições ambientais menos favoráveis à doença, as estratégias de manejo empregadas foram mais eficazes.

Na safra 2018/2019 a maior severidade foi em Videira, seguida por Curitibanos. Esse padrão foi invertido nas safras seguintes (2019/2020 e 2020/2021), com Curitibanos registrando as maiores médias. Em todas as safras, São Joaquim manteve os menores níveis de severidade, embora a diferença entre São Joaquim e Videira tenha sido menos expressiva em 2020/2021. Esses resultados indicam que tanto Curitibanos quanto Videira enfrentam desafios relevantes no controle da podridão da uva madura.

No que se refere à severidade da doença nos cachos, avaliada por escala diagramática, os efeitos ambientais se mostraram mais expressivos do que os observados para a incidência. No entanto, a interação genótipo $\times$ ambiente teve efeito mais determinante na severidade, evidenciando a importância da adequação varietal ao ambiente de cultivo. A maior magnitude positiva da interação foi observada para a variedade Johanniter cultivada em São Joaquim na safra 2018/2019, seguida por Cabernet Cortis em Curitibanos na mesma safra, contribuindo para os altos níveis de severidade registrados. Por outro lado, os maiores efeitos negativos da interação foram identificados para as seleções GF.2004-043-0015 e GF.2004-043-0024, ambas em Curitibanos na safra 2018/2019 (Figura 6), sugerindo maior estabilidade ou resistência à doença nesses genótipos sob as condições desse ambiente.

Comparando entre localidades, Curitibanos consistentemente apresenta a maior severidade da podridão da uva madura, especialmente em variedades como Cabernet Cortis, Sauvignon Blanc e Baron. Isso indica que as condições ambientais favorecem a ocorrência da doença e/ou práticas de manejo são menos eficazes em controlar a doença nessa localidade. Em São Joaquim, a porcentagem de severidade da doença foi menor em comparação com Curitibanos e Videira, mas ainda assim variedades, como Calandro, GF.2004-043-0010 e Johanniter, sofreram com a podridão. Como a maioria das variedades apresentou porcentagem

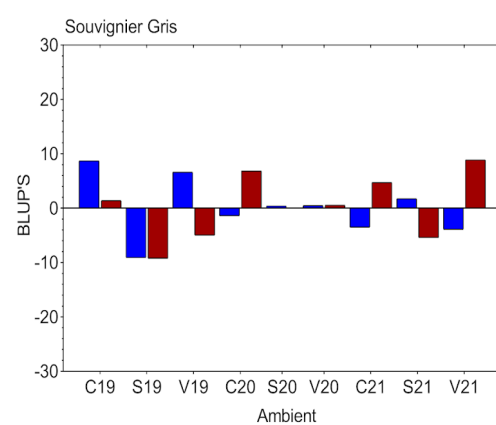
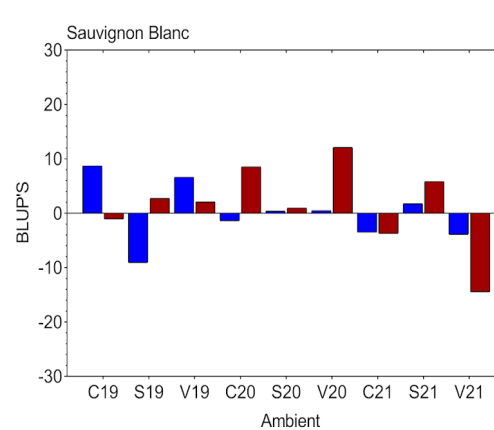
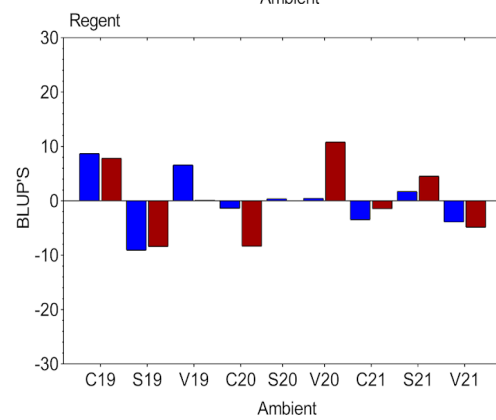
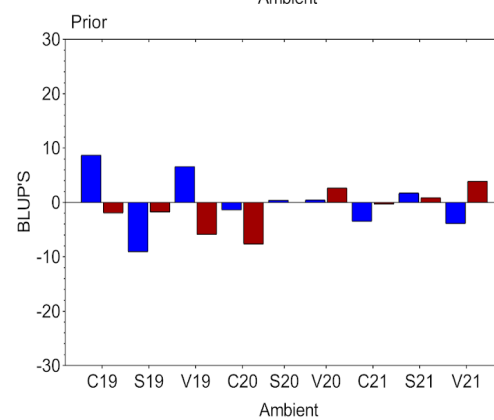
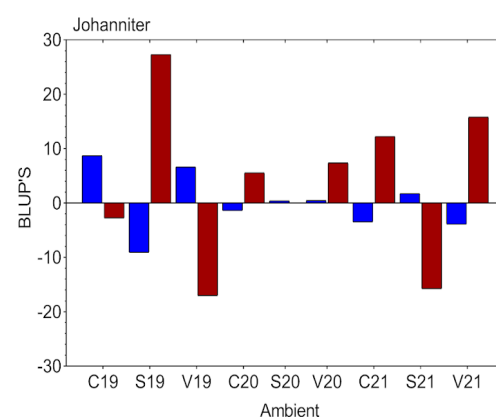
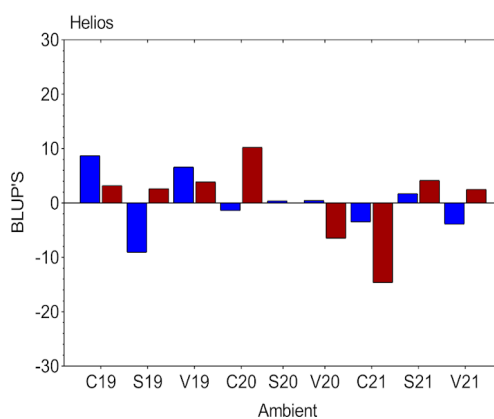
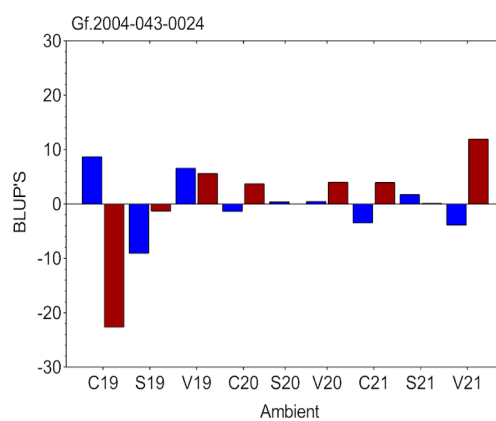
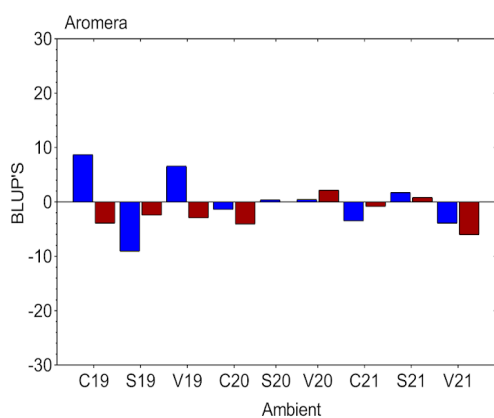
de severidade muito baixa, os resultados obtidos sugerem que as condições ambientais são menos favoráveis à ocorrência da doença, assim como as práticas de manejo.

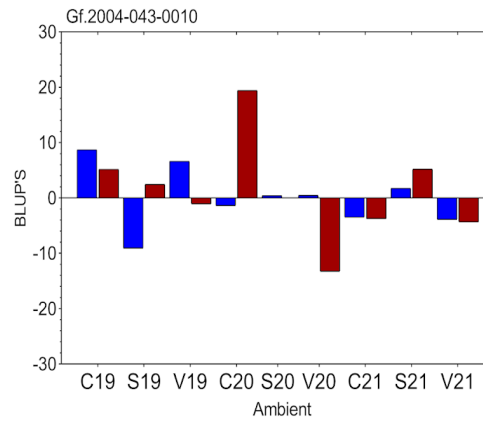
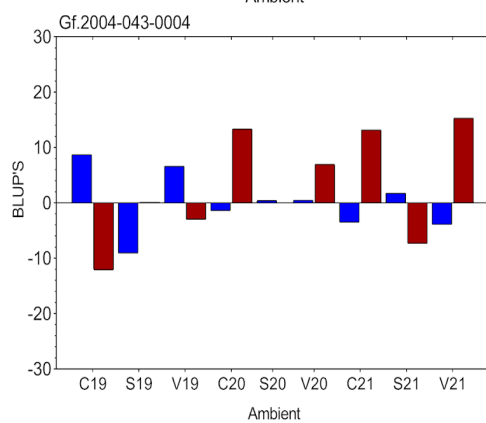
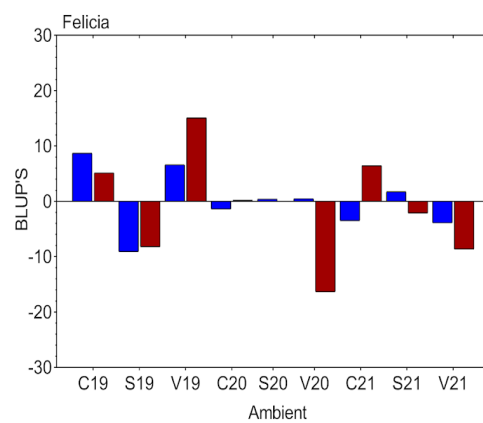
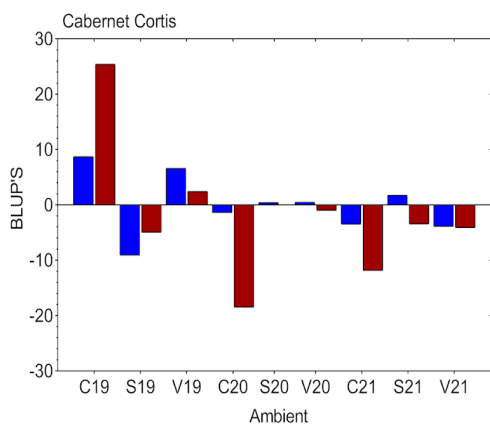
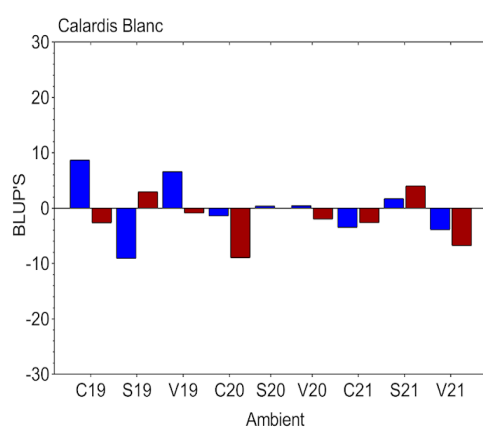
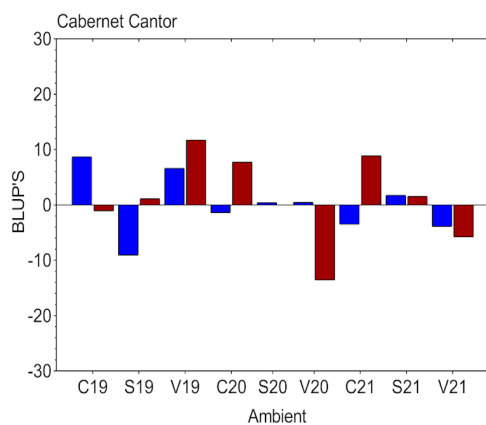
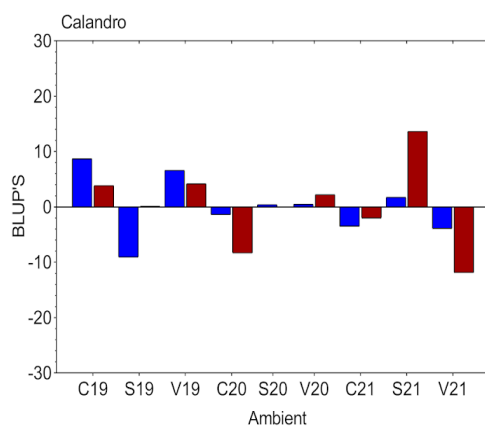
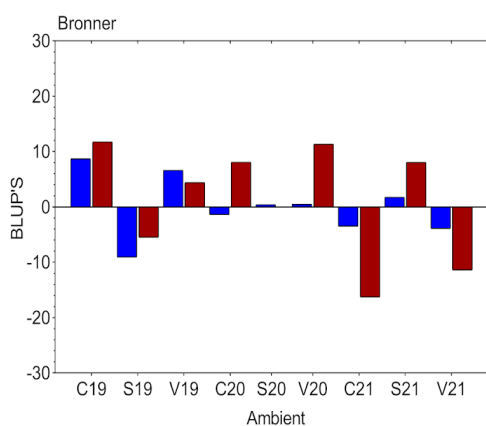
De forma geral, as menores magnitudes — tanto positivas quanto negativas — da interação genótipo $\times$ ambiente foram observadas na safra de 2019/2020 no município de São Joaquim, independentemente da variedade ou seleção avaliada. Esse resultado sugere menor influência do ambiente local na expressão da severidade da podridão da uva madura nesse ciclo, possivelmente em função de condições climáticas menos favoráveis ao desenvolvimento do patógeno ou de maior uniformidade na resposta varietal.

Em contraste, na safra de 2018/2019 no município de Curitiba, foi constatado efeito ambiental positivo sobre todos os genótipos avaliados, indicando condições favoráveis ao progresso da doença. Contudo, para as seleções GF.2004-043-0004, GF.2004-043-0015 e GF.2004-043-0024, os efeitos negativos da interação genótipo $\times$ ambiente foram de mesma magnitude ou até superiores, o que evidencia uma limitação adaptativa desses genótipos ao ambiente específico de Curitiba durante aquela safra (Figura 6).

Na safra 2018/2019, a severidade da doença foi elevada, possivelmente favorecida por condições microclimáticas propícias ao desenvolvimento do patógeno (*Colletotrichum* spp.) bem como pela presença de genótipos com maior suscetibilidade (ex: Sauvignon Blanc) (Figura 5 e 6).

Ainda na safra 2018/2019, em São Joaquim, o ambiente exerceu efeito negativo sobre todas as variedades e seleções avaliadas quanto à severidade da podridão da uva madura, com magnitude aproximada de -8. Esse padrão foi acompanhado por efeitos também negativos da interação genótipo $\times$ ambiente para as variedades Regent, Souvignier Gris, Felicia e Bronner, indicando que tanto o ambiente quanto sua interação com os genótipos limitaram a expressão da doença nessas cultivares. Em contrapartida, a variedade Johanniter destacou-se por apresentar efeito positivo expressivo da interação genótipo $\times$ ambiente, com magnitude cerca de três vezes superior à do ambiente isoladamente, conforme descrito anteriormente (Figura 6).





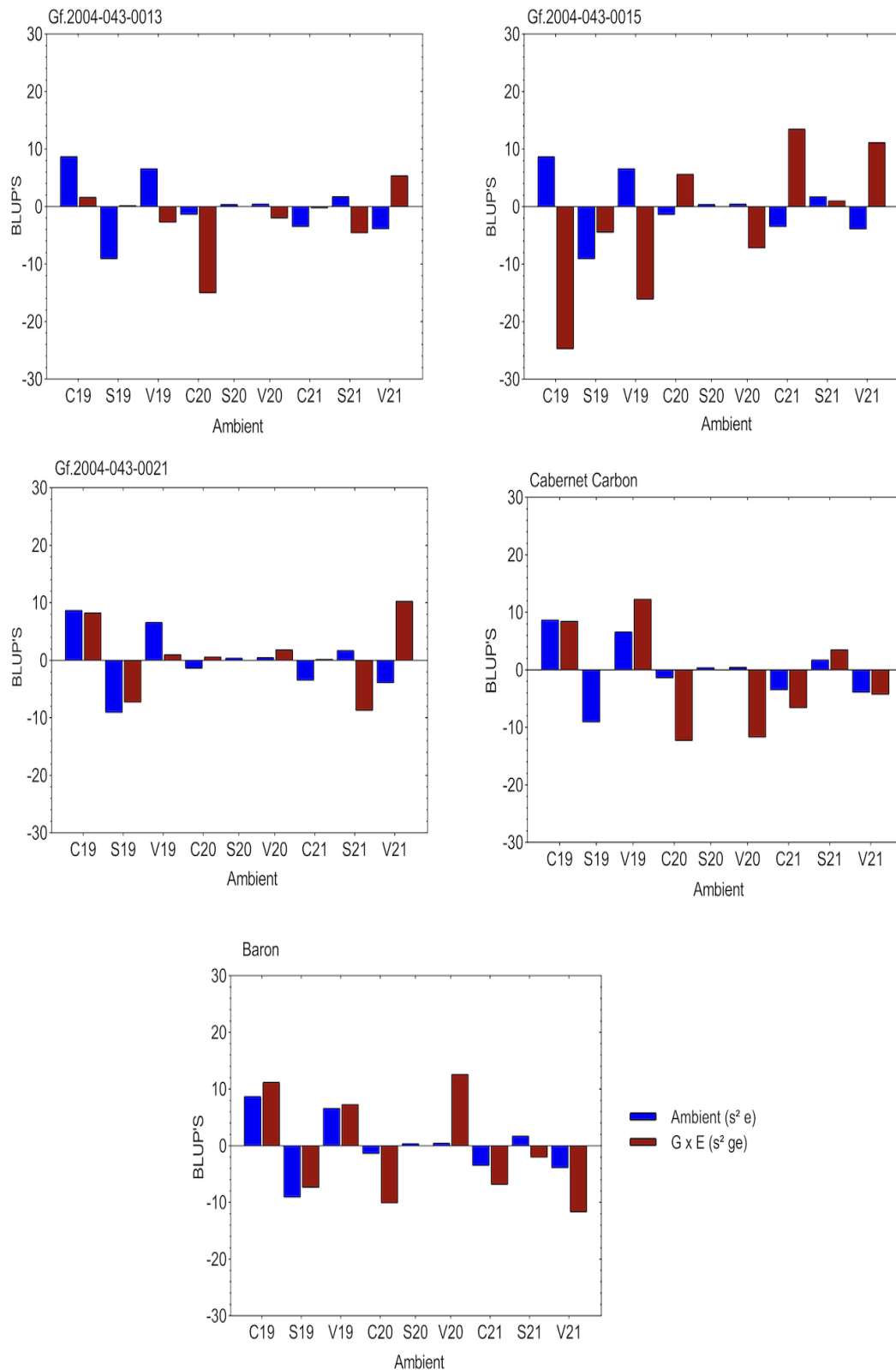


Figura 6. BLUP's considerando a Interceção para avaliação de severidade da podridão da uva madura. C = Curitibanos, S = São Joaquim, V = Videira, 19, 20 e 21 correspondem às safras 2018/2019, 2019/2020, 2020/2021, respectivamente. Azul = Ambiente, Vermelho = Genótipo x ambiente.

5.3.3 Dados Meteorológicos

As condições climáticas registradas no vinhedo de Curitibaanos entre junho de 2018 e abril de 2022 evidenciam padrões que podem ter favorecido a ocorrência e severidade da podridão da uva madura (Figura 7). A precipitação pluviométrica foi irregular ao longo das safras, com destaque para volumes acima de 25 mm entre junho/2018 e abril/2019, além de picos em dezembro/2020, janeiro/2021, setembro/2021 e março/2022. Por outro lado, foram observados períodos de déficit hídrico, com precipitações inferiores a 5 mm nos meses de julho/2018, entre julho e outubro/2019, março/2020, outubro/2020, abril/2021 e agosto/2021.

As temperaturas médias oscilaram entre 15 °C e 25 °C, com valores superiores a 20 °C nos meses de novembro a março de cada safra — período que coincide com as fases de maturação e colheita da videira, em que a suscetibilidade dos frutos a *Colletotrichum* spp. é elevada. Temperaturas inferiores a 10 °C foram registradas apenas em julho/2021, caracterizando o inverno mais rigoroso do período avaliado.

A umidade relativa do ar (UR%) permaneceu elevada durante grande parte do ciclo, com variações entre 80% e 95%. Picos superiores a 95% ocorreram nos meses de maior risco epidemiológico, como junho/2018, maio e junho/2019, junho/2020, janeiro/2021, junho/2021 e março/abril de 2022. Esses períodos coincidiram com altos níveis de molhamento foliar (variando entre 5 e 15 horas), o que contribui para a germinação de conídios e infecção dos tecidos da planta.

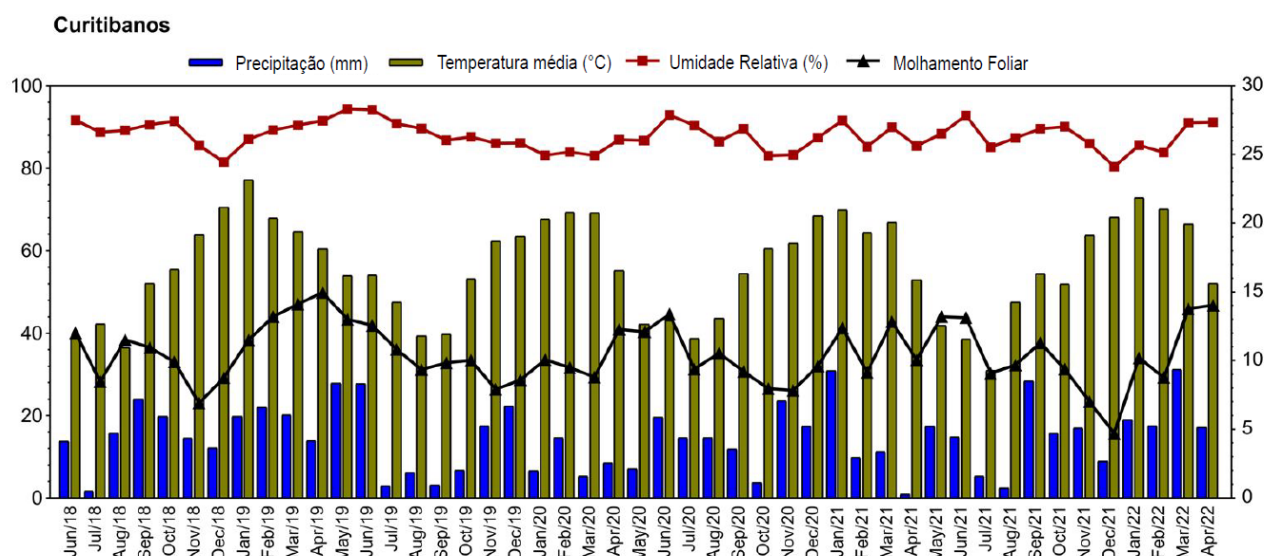


Figura 7. Precipitação, temperatura média, umidade relativa do ar e umidade foliar, no vinhedo de Curitibaanos, de junho de 2018 a abril de 2022. Fonte: CIRAM/EPAGRI.

A conjunção de temperaturas amenas a moderadas, alta umidade relativa e precipitação frequente, especialmente nos meses de verão e início do outono, cria um ambiente altamente favorável ao estabelecimento e progressão da podridão da uva madura em Curitiba. Esses fatores ajudam a explicar os elevados níveis de severidade observados no local ao longo do experimento.

Em São Joaquim, as condições climáticas caracterizaram-se por temperaturas médias significativamente mais baixas em comparação às demais localidades experimentais. Durante os meses de inverno das safras avaliadas, as temperaturas médias mantiveram-se consistentemente abaixo de 15 °C, e, ao longo de todo o período analisado (junho de 2018 a abril de 2022), os valores médios permaneceram abaixo de 20 °C, exceto no mês de fevereiro de 2018 (Figura 8). Tais condições térmicas limitam a velocidade de desenvolvimento do patógeno, o que pode ter contribuído para os menores níveis de incidência e severidade da podridão da uva madura observados nesta localidade."

A precipitação pluviométrica apresentou picos significativos nos meses de maio/2019 e janeiro/2021, sendo estes os períodos de maior acúmulo hídrico no ciclo agrícola. Em contrapartida, registraram-se volumes extremamente baixos de precipitação (<2 mm) nos meses de junho/2019, agosto/2019 e abril/2021. A safra 2018/2019 foi caracterizada por uma distribuição pluviométrica mais homogênea ao longo das fases fenológicas da videira, o que pode ter favorecido uma menor pressão de inóculo e limitado os surtos da doença.

A umidade relativa do ar (UR%) foi altamente variável entre os meses e safras. Os valores mais elevados (>90%) ocorreram nos meses de junho a agosto/2018 e em maio/2019, enquanto os valores mais baixos (~65%) foram registrados nos meses de agosto de 2020 e 2021. Apesar da variação, a combinação entre temperaturas amenas e períodos de baixa precipitação, especialmente durante os estádios reprodutivos da videira, pode ter contribuído para a redução da severidade da podridão da uva madura observada em São Joaquim.

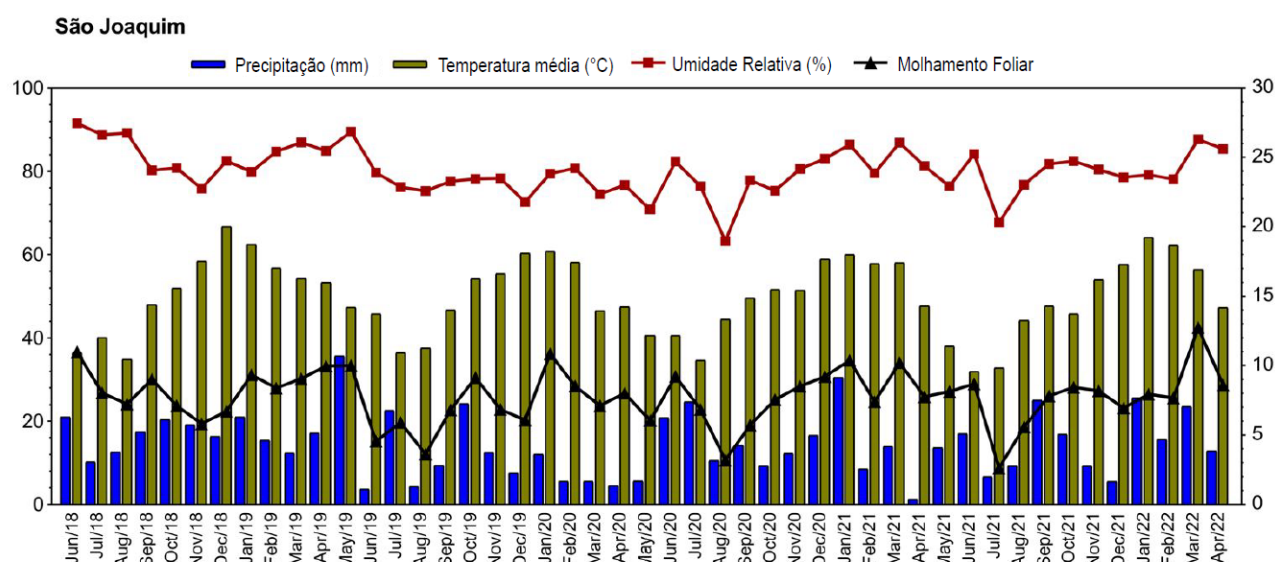


Figura 8. Precipitação, temperatura média, umidade relativa do ar e umidade foliar, no vinhedo de São Joaquim, de junho de 2018 a abril de 2022. Fonte: CIRAM/EPAGRI.

Em Videira, as temperaturas médias permaneceram acima de 20 °C entre os meses de novembro e fevereiro em todas as safras analisadas, com pico térmico observado em janeiro/2019 (Figura 9). Durante os meses de inverno, as temperaturas médias oscilaram em torno de 15 °C, exceto em julho/2021, quando se observou uma leve queda abaixo desse valor. Este padrão térmico reflete um ambiente com verão quente e inverno ameno, compatível com o desenvolvimento de patógenos de clima moderadamente quente, como *Colletotrichum* spp.

A umidade relativa do ar (UR%) apresentou variações expressivas ao longo das safras. Os maiores valores foram registrados nos meses de junho/2019, junho/2020, janeiro/2021 e junho/2021, todos com médias próximas de 90%. Por outro lado, os menores níveis de UR% foram observados entre outubro e novembro de 2020, e em dezembro/2021. De forma geral, os meses de verão, que coincidem com o período de maior temperatura, também apresentaram elevação da umidade relativa, criando um microclima propício à infecção fúngica.

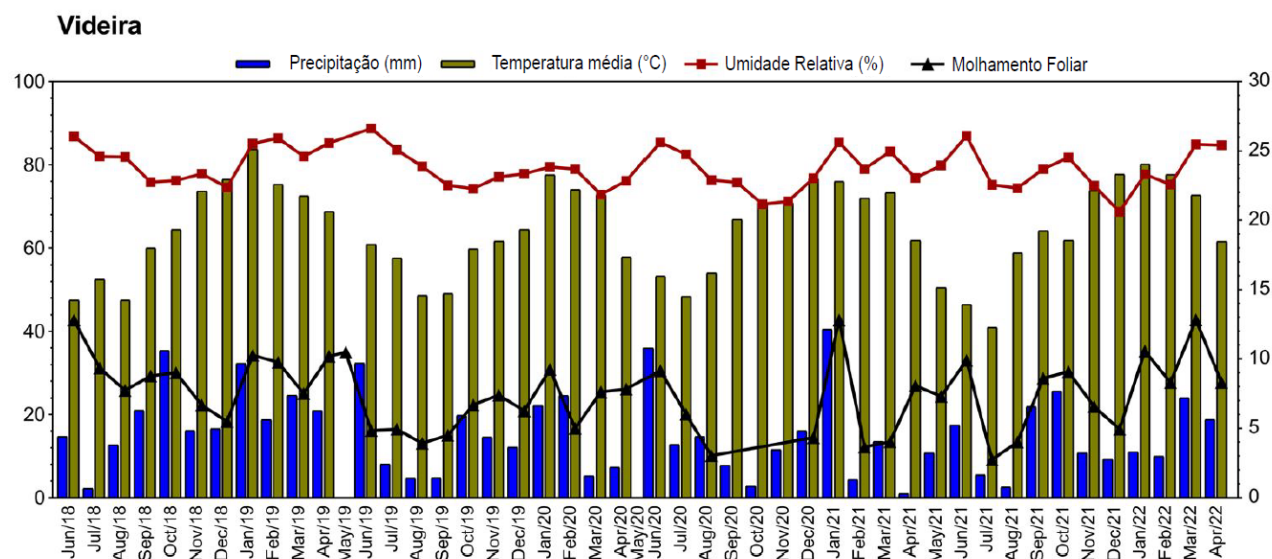


Figura 9. Precipitação, temperatura média, umidade relativa do ar e umidade foliar, no vinhedo de Videira, de junho de 2018 a abril de 2022. Fonte: CIRAM/EPAGRI.

A análise das condições climáticas que precederam os sintomas da podridão da uva madura indicou um ambiente altamente favorável à infecção do patógeno. Em Curitiba, a semana anterior à manifestação da doença foi marcada por temperatura média de 23 °C, precipitação acumulada de 87,8 mm e umidade relativa do ar de 85,7% (Figura 7). Em Videira, o cenário foi ainda mais propício, com temperatura média de 30,9 °C, precipitação de 42 mm e UR% de 88% (Figura 9), condições que favorecem fortemente a germinação e penetração de conídios do patógeno.

5.4 DISCUSSÃO

5.4.1 Incidência, severidade, desenvolvimento e ocorrência de doenças

As principais regiões vitivinícolas do mundo caracterizam-se por apresentarem invernos rigorosos, elevada incidência de radiação solar e baixos índices pluviométricos durante os estádios vegetativos e reprodutivos da videira (Borghezán et al., 2011). No estado de Santa Catarina, municípios localizados acima de 900 metros de altitude, como São Joaquim, apresentam microclimas favoráveis ao cultivo de videiras destinadas à produção de vinhos finos (Back; Della Bruna; Felipetto, 2013). Essa condição altitudinal está associada a menor temperatura média, maior amplitude térmica e menores índices de umidade relativa do ar, fatores que limitam o desenvolvimento de doenças fúngicas, como a podridão da uva madura.

No presente estudo, foi constatado que tanto a incidência quanto a severidade da podridão da uva madura foram menores em São Joaquim, quando comparadas às demais localidades (Curitibanos e Videira). Tais resultados corroboram com os de Borghezian et al. (2011), que destacam que regiões de maior altitude e menor umidade apresentam menor pressão de doenças, resultando em maior sanidade dos frutos e melhor qualidade enológica.

A brotação da videira é iniciada quando as temperaturas médias ultrapassam a faixa de 7 a 11 °C, sendo esse limite influenciado por fatores como altitude, variedade e ano-safra (Fitzharris; Endlicher, 1996; Jackson; Spurling, 2001; Galet, 2015). A partir desse limiar, o crescimento vegetativo se intensifica até atingir a taxa de desenvolvimento ótima, geralmente entre 25 e 28 °C, intervalo que também favorece a infecção por patógenos como *Colletotrichum* spp.

Dessa forma, a altitude atua como uma barreira climática natural contra a podridão da uva madura, ao reduzir a temperatura média do ar e limitar o número de horas de molhamento foliar, fatores essenciais para o ciclo epidemiológico do patógeno. A associação entre menor umidade e maior amplitude térmica em regiões de altitude se mostrou determinante para os menores níveis de severidade da doença observados em São Joaquim, reforçando a relevância do zoneamento agroclimático para a viticultura de precisão.

A amplitude térmica é um dos principais fatores agroclimáticos influenciados pela altitude e exerce papel decisivo na viticultura de regiões de montanha. Estima-se que, para cada 100 metros de elevação, ocorra uma redução aproximada de 0,6 °C na temperatura média do ar (Tonietto, 2003), impactando diretamente os processos fenológicos da videira e a dinâmica epidemiológica de doenças. Em São Joaquim, essa condição contribuiu para a menor severidade da podridão da uva madura observada neste estudo, em comparação com localidades de menor altitude, como Curitibanos e Videira.

O clima também influencia significativamente nos parâmetros físico-químicos dos frutos, como a relação açúcar/ácido, a acidez total e o teor de compostos fenólicos (Rizzon; Miele, 2003), os quais também podem impactar indiretamente a suscetibilidade dos frutos à infecção por patógenos. No contexto da podridão da uva madura, fatores como alta precipitação e elevada umidade relativa favorecem a germinação de conídios, o estabelecimento do patógeno e a progressão da doença no cacho.

A severidade da podridão da uva madura é modulada tanto por fatores genéticos quanto ambientais. Van Kan (2006) destaca que regiões com maior índice pluviométrico apresentam maior severidade da doença, especialmente quando associadas a temperaturas moderadamente elevadas. Essa variabilidade interanual nas condições climáticas influencia a dinâmica da doença entre safras (Glazebrook, 2005), exigindo monitoramento contínuo e estratégias de manejo adaptativo.

A genética das cultivares de videira é outro fator determinante na resposta à infecção por *Colletotrichum* spp. Segundo Perfect e Green (2001), variedades com maior suscetibilidade devem ser alvo de estratégias de manejo específicas em regiões de risco fitossanitário elevado. A resistência de plantas à podridão pode ser classificada como vertical (específica) ou horizontal (poligênica), sendo esta última responsável por retardar o estabelecimento e reduzir a taxa de progresso da doença (Vanderplank, 1963). Os dados obtidos no presente estudo sugerem que alguns genótipos apresentaram resistência de tipo horizontal, o que pode justificar a menor taxa de infecção observada em determinadas condições edafoclimáticas. No entanto, estudos complementares são necessários para a validação dessa hipótese e posterior incorporação em programas de melhoramento genético.

O complexo *Colletotrichum* spp. pode colonizar tecidos florais da videira ainda nas fases iniciais do ciclo fenológico, permanecendo em estado latente até o período de maturação dos frutos, quando as condições ambientais se tornam mais favoráveis à infecção (Spada et al., 2002). Este comportamento latente representa um desafio ao manejo fitossanitário, pois dificulta a detecção precoce e amplia o risco de perdas durante a fase de colheita. Diante disso, práticas culturais que promovam a aeração do dossel e o controle do microclima — como podas direcionadas, desbaste de folhas e redução do molhamento foliar — são fundamentais para limitar o estabelecimento e a progressão da doença (Hammond-Kosack; Jones, 1996).

A demanda hídrica da videira é variável ao longo de seu ciclo fenológico, sendo influenciada por fatores como tipo de solo, cobertura vegetal e estágio de desenvolvimento (Tonietto, 2003). Embora a videira apresente melhor desempenho em ambientes com regime hídrico anual entre 400 e 600 mm, volumes superiores, quando bem distribuídos, podem ser tolerados. Para o pleno desenvolvimento da cultura, são considerados críticos valores mínimos de 150 a 300 mm de precipitação no inverno e de 250 a 350 mm do período de brotação até o início da maturação (Giovannini; Manfroi, 2009). Contudo, a presença de umidade constante e molhamento foliar elevado ao longo desse intervalo favorece a germinação dos conídios de

Colletotrichum spp. e o desenvolvimento da podridão da uva madura em qualquer fase do ciclo vegetativo.

As cultivares PIWI (*Pilzwiderstandsfähige Rebsorten*), resultantes de cruzamentos dirigidos entre *V. vinifera* e espécies com resistência natural a doenças, apresentam resistência parcial bem documentada a patógenos como *Plasmopara viticola* (míldio), *Erysiphe necator* (oídio) e *Botrytis cinerea* (botrytis bunch rot) (Casanova-Gascón et al., 2019; et al., 2020). No entanto, tais materiais genéticos não foram, até o momento, selecionados com foco na resistência à podridão da uva madura causada por *Colletotrichum* spp. Neste estudo, observou-se variação no comportamento das cultivares PIWI avaliadas, com genótipos classificados como suscetíveis, intermediários ou resilientes à doença. Esse resultado corrobora a necessidade de avaliações específicas frente à podridão da uva madura no contexto brasileiro, uma vez que o melhoramento direcionado à resistência a esta doença ainda é incipiente nessas variedades.

Na epidemiologia de doenças de plantas, a taxa de progresso da doença (r) é um parâmetro-chave utilizado para comparar a suscetibilidade de diferentes genótipos ou sistemas de cultivo sob distintas condições ambientais. A quantificação precisa da severidade — entendida como a intensidade da doença expressa em função da área foliar ou da superfície dos frutos afetados — é fundamental para descrever a dinâmica da epidemia ao longo do tempo, além de possibilitar a modelagem preditiva e a implementação de estratégias eficazes de manejo integrado (Spósito, 2003). No presente estudo, observou-se que as condições ambientais desempenharam papel determinante no desenvolvimento da podridão da uva madura. Resultados semelhantes foram reportados por Dias et al. (2022), Mecabo et al. (2018) e Zanguelini et al. (2019), ao constatarem que temperaturas médias superiores a 20 °C, associadas a eventos de precipitação, favoreceram o aparecimento de sintomas de míldio em cultivares PIWI sensíveis. Essas mesmas cultivares, como Calandro, Prior e Helios, demonstraram, neste estudo, comportamento de suscetibilidade parcial à podridão da uva madura, enquanto Sauvignier Gris se destacou pela resiliência nas condições da região de Curitiba.

Do ponto de vista de manejo fitossanitário, diferentes abordagens têm sido avaliadas para reduzir a severidade da podridão da uva em ambientes tropicais e subtropicais. Chavarria et al. (2007) demonstraram que a utilização de cultivo protegido modifica o microclima da planta, reduzindo a necessidade de aplicações fungicidas e, conseqüentemente, a incidência da doença. Aplicações direcionadas de fungicidas durante estádios fenológicos críticos, sobretudo

na fase de pré-colheita, têm se mostrado eficazes no controle da podridão da uva madura causada por *Colletotrichum* spp. em cultivares como a Niágara Rosada (Leles et al., 2022). Além disso, alternativas como a aplicação de sais de fosfito, em especial o fosfito de cálcio, têm demonstrado efeitos promissores no controle de *Aspergillus niger* em uvas de mesa (Dambros et al., 2016). Em uvas da cultivar BRS Isis, o uso foliar de silício contribuiu para a redução da incidência de podridão madura, conferindo maior firmeza à polpa e redução nos níveis de ácido glucônico, um marcador de degradação de tecidos (Costa et al., 2024).

Esses resultados reforçam a importância do monitoramento climático e da escolha varietal no manejo integrado da podridão da uva madura, além de indicarem o potencial de estratégias complementares com produtos alternativos que atuam tanto no reforço das defesas da planta quanto na modificação do ambiente hospedeiro.

A umidade relativa do ar (UR) é um dos principais fatores ambientais que influenciam a germinação de esporos, a infecção e o desenvolvimento de patógenos fúngicos, especialmente em regiões de clima tropical e subtropical. Embora *Colletotrichum* spp. apresente capacidade de crescimento em ampla faixa de temperatura, sua disseminação é amplamente favorecida por condições de elevada umidade. Em contrapartida, temperaturas elevadas e períodos de estiagem podem provocar a desidratação de estruturas fúngicas presentes em restos culturais e outras fontes de inóculo, reduzindo sua viabilidade (Lalancette et al., 2010).

A severidade da podridão da uva madura está fortemente associada à ocorrência de chuvas em fases fenológicas críticas, especialmente durante o período de maturação dos frutos. A precipitação elevada, além de promover o molhamento foliar prolongado, contribui para a criação de microclimas nos cachos, altamente propícios à infecção. No Sul do Brasil, as regiões vitivinícolas apresentam precipitação média anual frequentemente superior a 1.400 mm, ultrapassando os limites ideais para produção de vinhos de qualidade (700 a 800 mm), o que se configura como fator limitante para o cultivo da videira em sistema convencional (Giovannini; Manfroí, 2009).

A faixa ideal de UR para o desenvolvimento saudável da cultura da videira situa-se entre 62% e 68% (Giovannini; Manfroí, 2009). Valores superiores a essa faixa, frequentemente registrados em regiões como o Planalto Catarinense, favorecem o aparecimento de doenças como míldio, podridão-amarga, podridão-negra e podridão-da-uva-madura. Do ponto de vista fisiológico, a UR influencia diretamente o balanço hídrico e o metabolismo da planta, sendo

que em ambientes com UR muito baixa ocorrem aumentos da transpiração, respiração e absorção de água, podendo impactar negativamente a sanidade vegetal.

A região do Planalto Central Catarinense, classificada na Zona Agroecológica 3A, apresenta temperatura média anual de 15,8 a 17,9°C, com acúmulo de 437 a 642 horas de frio por ano, precipitação anual entre 1.460 e 1.820 mm e insolação entre 2.137 e 2.373 horas (Thomé et al., 1999). Essas condições permitem o cultivo de *V. vinifera*, sobretudo pela adequada acumulação de horas de frio, porém exigem estratégias rigorosas de manejo sanitário devido à elevada umidade e frequentes períodos chuvosos, que ampliam o risco fitopatológico durante a maturação dos frutos.

Segundo a classificação de Köppen, o clima Cfb (temperado úmido, sem estação seca e verões amenos) predomina na região (Alvares et al., 2013). Embora estudos anteriores (Gris et al., 2010; Borghezian et al., 2011; Brighenti et al., 2013; Nunes et al., 2016) reconheçam o potencial vitícola da região para a produção de uvas finas de mesa e vinhos, poucos relacionaram essas características climáticas com a epidemiologia de doenças específicas, como a podridão da uva madura. O presente estudo contribui para preencher essa lacuna, reforçando a necessidade de integrar variáveis edafoclimáticas ao planejamento fitossanitário e à escolha varietal.

Na região Sul do Brasil, a principal estratégia de manejo fitossanitário nas áreas produtoras de uva baseia-se na pulverização com fungicidas de contato e sistêmicos. Essa abordagem exige múltiplas aplicações ao longo do ciclo, o que resulta em impactos negativos ao meio ambiente e à saúde humana, além de favorecer o surgimento de populações resistentes de patógenos, como evidenciado por Czermainski e Sônego (2004). Conforme apontado por Shimano e Sentelhas (2013), a aplicação de agrotóxicos pelo sistema de calendário agrícola excede, frequentemente, a necessidade real para o controle de doenças como míldio, antracnose e manchas foliares, refletindo a carência de racionalização no uso de agroquímicos, especialmente em cultivares de *V. labrusca*.

A faixa ideal de temperatura para o desenvolvimento fisiológico da videira situa-se entre 25 °C e 32 °C (Jackson; Spurtling, 2001). Abaixo desse intervalo, observam-se restrições no crescimento vegetativo e, acima dele, reduções na eficiência fotossintética devido ao aumento da taxa respiratória. Em regiões de clima quente, a temperatura ótima para a fotossíntese gira

em torno de 28°C, enquanto em ambientes de clima ameno, como o Planalto Catarinense, essa temperatura ideal reduz-se para cerca de 24 °C (Gladstones, 1992).

O clima exerce influência direta sobre a fenologia da videira, os processos de maturação e a qualidade final dos frutos (Tonietto, 2003; Deloire et al., 2005). A interação entre fatores climáticos, edáficos, genéticos e práticas culturais determina o desempenho agrônomo da cultura e sua vulnerabilidade a doenças. Os resultados do presente estudo reforçam a importância da interação genótipo × ambiente, evidenciando que o desempenho varietal pode variar significativamente entre safras e locais. Assim, programas de melhoramento genético e práticas de manejo regionalizadas devem considerar essa interação para maximizar a produtividade e a resiliência da cultura.

O manejo do molhamento foliar é uma ferramenta essencial na viticultura, influenciando diretamente a incidência de doenças fúngicas. Práticas como poda adequada, espaçamento entre plantas, condução e, quando necessário, o uso de coberturas plásticas, são recomendadas para minimizar períodos de umidade sobre a superfície foliar (Souza et al., 2013). A duração do molhamento foliar está diretamente relacionada à severidade de doenças como a podridão-negra (*Guignardia bidwellii*), podridão-da-uva-madura (*Colletotrichum* spp.) e podridão-cinzenta (*Botrytis cinerea*), as quais são favorecidas por alta umidade relativa e temperaturas moderadas, especialmente no período de pré-colheita (Lima et al., 2021; Gubler et al., 2013). Portanto, o monitoramento climático e a adoção de práticas integradas são indispensáveis ao manejo sanitário sustentável em viticultura.

5 CONCLUSÕES

A localidade de Curitiba apresentou os maiores índices de severidade da podridão da uva madura (*Colletotrichum* spp.), evidenciando elevada variabilidade entre safras e indicando maior suscetibilidade ambiental e varietal à doença. Tal cenário reforça a necessidade de adoção de estratégias mais intensivas de manejo integrado, incluindo o uso de cultivares menos suscetíveis, monitoramento climático e ajustes fitossanitários conforme a sazonalidade.

O município de Videira apresentou comportamento intermediário, com oscilações na severidade da doença entre os anos avaliados. A região demonstra potencial para controle eficiente da podridão da uva madura, desde que o manejo seja ajustado anualmente com base nas condições meteorológicas específicas de cada safra, principalmente quanto à precipitação e ao molhamento foliar no período de maturação dos frutos.

Em contrapartida, São Joaquim destacou-se como a localidade com menor incidência e severidade da podridão da uva madura, apresentando baixa variabilidade interanual. Este resultado pode ser atribuído às condições climáticas mais restritivas ao desenvolvimento do patógeno, como as temperaturas médias mais amenas e menor umidade relativa no período crítico da doença. A altitude elevada e a amplitude térmica diária típica da região também contribuem para a menor pressão de inóculo, além de favorecerem a qualidade das uvas.

A análise conjunta dos dados evidencia a importância de estratégias de manejo adaptadas às particularidades de cada ambiente vitícola. A seleção de genótipos resistentes ou menos suscetíveis também é fundamental. Neste sentido, os genótipos *Souvignier Gris*, *GF.2004-043-0015* e *Calardis Blanc* demonstraram menor expressão da doença, independentemente do local e da safra. Por outro lado, as cultivares *Cabernet Cortis*, *Sauvignon Blanc* e *Baron* apresentaram elevada severidade da podridão da uva madura de forma consistente, sugerindo maior suscetibilidade genética e, portanto, maior necessidade de monitoramento e intervenções fitossanitárias.

REFERÊNCIAS

- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- BACK, Á. J. et al. Tendências nos índices climáticos e agroclimáticos aplicados à videira no Planalto Serrano de Santa Catarina. **Revista Brasileira de Climatologia**, v. 13, 2013.
- DE BEM, Betina Pereira. **Intensidade do míldio da videira em folha e podridão cinzenta em cacho em variedades viníferas sob diferentes sistemas de sustentação**. 2014. 162 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Centro de Ciências Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, 2014.
- BEM, B. P. de et al. Effect of Y-trellis and vertical shoot positioning training systems on downy mildew and botrytis bunch rot of grape in highlands of southern Brazil. **Scientia Horticulturae**, v. 185, p. 162-166, 2015.
- BEM, B. P. de et al. Dinâmica temporal do míldio da videira em variedades Piwi na região de San Michele all'Adige, Trentino-Itália. **Summa Phytopathologica**, v. 46, n. 3, p. 212-220, 2020.
- BORGHEZAN, M. et al. Comportamento vegetativo e produtivo da videira e composição da uva em São Joaquim, Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 398-405, 2011.
- BRIGHENTI, A. F. et al. Caracterização fenológica e exigência térmica de diferentes variedades de uvas viníferas em São Joaquim, Santa Catarina-Brasil. **Ciência Rural**, v. 43, p. 1162-1167, 2013.
- CAFFI, T. et al. Evaluation of a warning system for controlling primary infections of grapevine downy mildew. **Plant disease**, v. 94, n. 6, p. 709-716, 2010.
- CASANOVA-GASCÓN, J. et al. Behavior of vine varieties resistant to fungal diseases in the Somontano region. **Agronomy**, v. 9, n. 11, p. 738, 2019.
- CHAVARRIA, G. et al. Incidência de doenças e necessidade de controle em cultivo protegido de videira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 29, p. 477-482, 2007.
- COSTA, V. B. et al. Silício no controle da podridão da uva madura na cultura da videira. **Observatório De La Economía Latinoamericana**, v. 22, n. 6, p. e5498-e5498, 2024.

COSTELLA, M. R. dos S. et al. Aspectos produtivos, fitossanitários e físico-químicos de variedades de uva (PIWI) produzidas na região sul do Brasil. **Observatório De La Economía Latinoamericana**, v. 22, n. 7, p. e5549-e5549, 2024.

CZERMAINSKI, A.B.C.; SÔNEGO, O.R. Influência das condições climáticas sobre a eficácia de fungicidas empregados para o controle do míldio em *Vitis vinifera*. **Cienc. Rural**, v. 34, n. 1, p.5-11, 2004.

DAMBROS, D. et al. Caracterização epidemiológica e fosfitos no manejo da podridão por *Aspergillus niger* em uva de mesa. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 11, n. 3, p. 171-177, 2016.

DANELLI, A. L. D. et al. Etiologia e intensidade de manchas foliares em cultivares de trigo em três locais do Rio Grande do Sul, Brasil. **Scientia Agropecuaria**, v. 2, n. 3, p. 149-155, 2011.

DELOIRE, A. et al. Grapevine responses to terroir: a global approach. **Oeno One**, v. 39, n. 4, p. 149-162, 2005.

DIAS, A.H. et al. Anthracnose susceptibility for grapevines with resistance loci to downy and powdery mildew in Southern Brazil. *Vitis* 61, 93–101, 2022. DOI: 10.5073/vitis.2022.61.93-101

EHRHARDT, C. et al. Analysis of the phenolic composition of fungus-resistant grape varieties cultivated in Italy and Germany using UHPLC-MS/MS. **Journal of mass spectrometry**, v. 49, n. 9, p. 860-869, 2014.

EPAGRI. Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina. Banco de dados de variáveis ambientais de Santa Catarina. **Florianópolis: Epagri**, 2020. 20p. (Epagri, Documentos, 310) - ISSN 2674-9521 (On-line).

FARIA, J. C. de et al. Manual de biossegurança em instalações com certificado de qualidade em biossegurança na Embrapa Arroz e Feijão. **Embrapa Arroz e Feijão**. 2007.

FITZHARRIS, B. B.; ENDUCHER, W. Climatic conditions for wine grape growing: central Europe and New Zealand. **New Zealand Geographer**, v. 52, n. 1, p. 1-11, 1996.

FU, P. *et al.* Cgr1, a ripe rot resistance QTL in *Vitis amurensis* ‘Shuang Hong’ grapevine. **Horticulture research**, v. 6, 2019.

GALET, P. **Dictionnaire encyclopédique des cépages et de leurs synonymes**. Hachette, Paris. 2015.

GARRIS, A., CLARK, M. D. Grape production and the global wine industry. In *Fruit Breeding* (pp. 225-251). 2011. doi: 10.1007/978-1-4419-0763-9_8

GIOVANNINI, E.; MANFROI, V. **Viticultura e enologia: elaboração de grandes vinhos nos terroirs brasileiros**. IFRS, 2009.

GLADSTONES, J. **Viticulture and environment**. 1992.

GLAZEBROOK, J. Contrasting Mechanisms of Defense Against Biotrophic and Necrotrophic Pathogens. **Annual Review Of Phytopathology**, v. 43, n. 1, p. 205-227, 1 set. 2005. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev.phyto.43.040204.135923>.

GRIS, E. F. et al. Phenology and ripening of *Vitis vinifera* L. grape varieties in São Joaquim, southern Brazil: a new South American wine growing region. **Ciencia e investigación agraria: revista latinoamericana de ciencias de la agricultura**, v. 37, n. 2, p. 61-75, 2010.

GUBLER, W. D.; THIND, T. S.; SALL, M. A. Grape diseases and their management. Springer, 2013.

HAMMOND-KOSACK, K.E.; JONES, J. D. Resistance gene-dependent plant defense responses. **The Plant Cell**, v. 8, n. 10, p. 1773-1791, out. 1996. <http://dx.doi.org/10.1105/tpc.8.10.1773>.

HILL, G.N.; BERESFORD, R.M.; EVANS, K.J. Tools for accurate assessment of botrytis bunch rot (*Botrytis cinerea*) on wine grapes. **New Zealand Plant Protection**, Auckland, v.63, p.174-181, 2010.

JACKSON, D. I.; SPURLING, M. B. Climate and Viticulture. **Viticulture: Practices**, v. 2, p. 91, 2001.

KORTEKAMP, A. *et al.* Identification, isolation and characterization of a CC-NBS-LRR candidate disease resistance gene family in grapevine. **Molecular Breeding**, v. 22, p. 421-432, 2008.

LALANCETTE, N.; MERRITT, R. W.; GINDRO, R. Temperatura e umidade relativa na epidemiologia de doenças fúngicas. **Fitopatologia Brasileira**, v. 35, p. 80-88, 2010.

LIMA, J. S. et al. Efeito da aplicação foliar de silício no desempenho agrônômico e ocorrência do míldio (*Plasmopora viticola*) na videira 'Bordô' cultivada no Planalto Norte Catarinense. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 16, e353101623915, 2021.

LIMA, M. F. et al. Doenças e alternativas de controle. In: SOARES, J. M.; LEO, P. C. de S. (Ed.) **A vitivinicultura no Semiárido Brasileiro**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Petrolina: Embrapa Semi-Árido, cap. 13, p. 543-596. 2009.

- LELES, N. R. et al. Manejo da podridão da uva madura em videira 'Niagara Rosada'. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 43, n. 5, p. 2189-2204, 2022.
- MARCUZZO, L. L. et al. Análise da relação entre incidência e severidade foliar da cercosporiose da beterraba. **Global science and technology**, p. 29-33, 2021.
- MAUL, E. et al. 2020: Vitis International Variety Catalogue - www.vivc.de. Accessed in January 2020
- MCLEAN, R. A.; SANDERS, W. L.; STROUP, Walter W. A unified approach to mixed linear models. **The American Statistician**, v. 45, n. 1, p. 54-64, 1991.
- MECABÒ, C. V. et al. Evaluation of resistant cultivars' (PIWI) behaviour in the central plateau of Santa Catarina, Brazil. In: **1th World Congress of vine and wine: "Shaping the future: Production and market challenges"**, Punta del Este, Uruguay, 19-23 November 2018. UY, 2018. p. 440-442.
- MENEGUZZO, J. et al. Efeito de *Botrytis cinerea* na composição do vinho Gewürztraminer. **Food Science and Technology**, v. 26, p. 527-532, 2006.
- MITTEER, D. R. et al. Further evaluation of teaching behavior technicians to input data and graph using GraphPad Prism. **Behavior Analysis: Research and Practice**, v. 20, n. 2, p. 81, 2020.
- NUNES, N. A. S.; LEITE, A. V.; CASTRO, C. C. Phenology, reproductive biology and growing degree days of the grapevine 'Isabel' (*Vitis labrusca*, Vitaceae) cultivated in northeastern Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, v. 76, n. 04, p. 975-982, 2016.
- PERFECT, S.E.; GREEN, J.R. Infection structures of biotrophic and hemibiotrophic fungal plant pathogens. **Molecular Plant Pathology**, v. 2, n. 2, p. 101-108, mar. 2001. <http://dx.doi.org/10.1046/j.1364-3703.2001.00055.x>
- POLETO, T. et al. Incidência Fúngica Em Glomérulos E Sâmaras De *Casuarina equisetifolia* (Casuarinaceae). **Revista de Ciências Ambientais**, v. 12, n. 2, p. 31-38, 2018.
- RIZZON, L. A.; MIELE, A. Avaliação da cv. Merlot para elaboração de vinho tinto. **Food Science and Technology**, v. 23, p. 156-161, 2003.
- SANTOS, S. A. Deriva de glyphosate e carfentrazone-ethyl sobre a severidade da ferrugem (*Puccinia psidii*) em clones de *Eucalyptus grandis*. 2016.
- SHIMANO, I. S. H.; SENTELHAS, P. C. Risco climático para ocorrência de doenças fúngicas da videira no Sul e Sudeste do Brasil. **Revista Ciência Agronômica**, v. 44, p. 527-537, 2013.
- SOLOGUREN, F. J.; JULIATTI, F. C. Doenças fúngicas em plantas ornamentais em Uberlândia-MG. **Bioscience journal**, v. 23, p. 42-52, 2007.
- SOUZA, R. M. et al. Manejo de míldio no cultivo protegido de videira de mesa 'BRS Clara'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 6, p. 593-600, 2010.

SOUZA, R. M. et al. Controle de doenças em videiras com o uso do cultivo protegido. **Visão Agrícola**, v. 14, p. 35-40, 2013.

SPADA, L. H.; DE NEGRI, J. D.; FEICHTENBERGER, E. Podridão floral dos citros: etiologia, epidemiologia e controle. **Fundecitrus**, 2002.

SPOSITO, M. B. **Dinâmica temporal e espacial da mancha preta (*Guignardia citricarpa*) e quantificação dos danos causados à cultura dos citros**. 2003. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.

THOMÉ, V.M.R. et al. Zoneamento Agroecológico e Socioeconômico de Santa Catarina. Florianópolis: Epagri, 1999, v.1000. p.1000

TONIETTO, J. Clima. In: KUHN, G. B. (Ed.). **Uva para processamento: produção**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 27-33.

VAN DER PLANK, J. E. **Plant diseases**. Elsevier Science, 1963.

VAN KAN, J.A.L. Licensed to kill: the lifestyle of a necrotrophic plant pathogen. **Trends In Plant Science**, v. 11, n. 5, p. 247-253, maio 2006. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tplants.2006.03.005>.

VIVC (Vitis International Variety Catalogue). Disponível em: <http://www.vivc.de/index.php?r=passport%2Fview&id=4572>.

ZANGHELINI, J. A. et al. Response of PIWI grapevine cultivars to downy mildew in highland region of southern Brazil. **European Journal of Plant Pathology**, v. 154, p. 1051-1058, 2019.

APÊNDICES

APÊNDICE A. Fungicidas comerciais e ingredientes ativos utilizados no manejo de doenças da videira nas safras 2018/2019, 2019/2020 e 2020/2021, nos municípios de Videira, Curitibanos e São Joaquim.

Safra	Data	Produto	Ingrediente ativo
VIDEIRA			
2018/2019	16/10/2018	Amistar	Azoxistrobina
2018/2019	19/10/2018	Cabrio top	Metiram, Piraclostrobina
2018/2019	30/10/2018	Folicur + Dithane	Tebuconazol + Mancozebe
2018/2019	07/11/2018	Sumilex + Mythos	Procimidona + Pirimetanil
2018/2019	13/11/2018	Rovral	Iprodiona
2019/2020	30/10/2019	Folicur	Tebuconazol
2019/2020	06/11/2019	Amistar + Mythos	Azoxistrobina + Pirimetanil
2019/2020	11/12/2019	Folicur + Sumilex	Tebuconazol + Procimidona
2019/2020	23/12/2019	Amistar + Dithane + Folicur	Azoxistrobina + Mancozebe + Tebuconazol
2019/2020	27/12/2019	Amistar + Folpan	Azoxistrobina + Folpete
2019/2020	03/01/2020	Alto 100 + Sumilex	Ciproconazol + Procimidona
2019/2020	10/01/2020	Amistar	Azoxistrobina
2019/2020	17/01/2020	Alto 100 + Folpan	Ciproconazol + Folpete
2020/2021	16/10/2020	Nativo	Tebuconazol, Trifloxistrobina
2020/2021	24/10/2020	Nativo	Tebuconazol, Trifloxistrobina
2020/2021	20/11/2020	Amistar + Domark	Azoxistrobina + Tetraconazol, Azoxistrobina
2020/2021	30/11/2020	Prisma + Dithane	Difenoconazol + Mancozebe
2020/2021	02/12/2020	Amistar + Alto 100	Azoxistrobina + Ciproconazol
2020/2021	22/12/2020	Alto 100 + Folpan	Ciproconazol + Folpete
2020/2021	06/01/2021	Alto 100 + Folpan	Ciproconazol + Folpete
2020/2021	21/01/2021	Alto 100 + Sumilex	Ciproconazol + Procimidona
2020/2021	27/01/2021	Alto 100 + Folpan	Ciproconazol + Folpete
CURITIBANOS			
2018/2019	15/07/2018	Score	Difenoconazol
2018/2019	06/10/2018	Metiltiofan	Tiofanato metílico
2018/2019	02/11/2018	Dithane	Mancozebe
2018/2019	10/11/2018	Delan	Ditianona
2018/2019	26/11/2018	Dithane	Mancozebe
2018/2019	18/12/2018	Cabriotop	Metiram + Piraclostrobina
2018/2019	28/12/2018	Dithane	Mancozebe
2019/2020	04/10/2019	Score	Difenoconazol

2019/2020	11/10/2019	Metiltiofan	Tiofanato metílico
2019/2020	07/11/2019	Score	Difenoconazol
2019/2020	12/11/2019	Dithane	Mancozebe
2019/2020	25/11/2019	Metiltiofan	Tiofanato metílico
2019/2020	12/12/2019	Metiltiofan	Tiofanato metílico
2019/2020	20/12/2019	Score	Difenoconazol
2020/2021	04/09/2020	Metiltiofan + Ridomil Gold	Tiofanato metílico + Metalaxil-M e Mancozebe
2020/2021	19/10/2020	Rovral + Nativo + Amistar Top	Etilenoxi + Iprodiona + Trifloxistrobina e Tebuconazol + Azoxistrobina e Difenoconazol
2020/2021	30/10/2020	Mythos + Nativo + Metiltiofan	Etilenoxi + Pirimetanil + Trifloxistrobina e Tebuconazol + Tiofanato metílico
2020/2021	13/11/2020	Rovral + Nativo + Cabrio top	Etilenoxi + Iprodiona + Trifloxistrobina e Tebuconazol + Metiram e Piraclostrobina
2020/2021	16/11/2020	Delan + Nativo + Metiltiofan	Etilenoxi + Ditianona + Trifloxistrobina e Tebuconazol + Tiofanato metílico
2020/2021	04/12/2020	Mythos e Metiltiofan	
2020/2021	14/12/2020	Karatê Zeon 50 CS	
2020/2021	24/12/2020	Cabriotop + Karatê Zeon 50 CS + Dithane NT	
2020/2021	16/01/2021	Folicur + Metiltiofan + Rovral	
2020/2021	03/02/2021	Sumilex (1 kg); Nativo (0,5 L); Karatê Zeon 50 CS	
2020/2021	15/02/2021	Assist óleo mineral; Rovral; Bravonil 720; Metiltiofan	
2020/2021	26/02/2021	Bravonil 720	
2020/2021	25/03/2021	Recop	
2020/2021	19/04/2021	Recop e Dithane NT	
SÃO JOAQUIM			
2018/2019	01/10/2018	Dithane + Score	Mancozebe + Difenoconazol
2018/2019	27/11/2018	Sulfato mg + Bravonil	Clorotalonil
2018/2019	11/12/2018	Sulfato mg + Dithane + Sumithion + Disperse	Mancozebe + Fenitrothion
2019/2020	01/10/2019	Terra sorb + Dithane + Score	Mancozebe + Difenoconazol
2019/2020	11/10/2019	Dithane + Fitofos	Mancozebe
2019/2020	17/10/2019	Terra sorb + Delan + Score	Ditianona + Difenoconazol
2019/2020	22/10/2019	Terra sorb + Fosfito + Manzate	Mancozebe

2019/2020	06/11/2019	Boro + Fosfito + Manzate + Cimox	Mancozebe
2019/2020	26/11/2019	Manzate	Mancozebe
2019/2020	03/12/2019	Fosfito + Manzate + Score	Mancozebe + Difenconazol
2019/2020	13/12/2019	Calcio + Bravonil + Curzate + Sumithion	Clorotalonil + Cimoxanil + Fenitrotona
2019/2020	08/01/2020	Sulfato mg + Cabrio Top + Mythos + Sumithion	Metiram, Piraclostrobina + Pirimetanil + Fenitrotona
2019/2020	16/01/2020	Sulfato mg + Nativo + Antracol	Tebuconazol, Trifloxistrobina + Propinebe
2020/2021	29/09/2020	Fortific + Manzate + Score	Mancozebe + Difenconazol
2020/2021	07/10/2020	Fortific + Manzate	Mancozebe + Difenconazol
2020/2021	23/10/2020	Fortific + Boro + Manzate + Score	Mancozebe + Difenconazol
2020/2021	30/10/2020	Dithane + Fitofos	Mancozebe
2020/2021	13/11/2020	Fortic + Cálcio + Manzate	Mancozebe
2020/2021	26/11/2020	Fortific + Manzate	Mancozebe
2020/2021	27/11/2020	Cabrio top + Rovral + Adesivo	Metiram, Piraclostrobina + Iprodiona
2020/2021	10/12/2020	Orchestra + Manzate	Piraclostrobina, Fluxapiraxade + Manzate
2020/2021	16/12/2020	Kumulus + Manzate + Metiltiofan	Enxofre + Manzate + Tiofanato-metilico
2020/2021	29/12/2020	Ácido Peracetico + Manzate + Metiltiofan	Manzate + Tiofanato-metilico
2020/2021	07/01/2021	Sulfato de mg + Fitofos + Manzate	Mancozebe
2020/2021	08/01/2021	Sumilex + Ácido Peracetico + Adesivo	Procimidona

APÊNDICE B. Datas de avaliação de podridão a campo.

VARIEDADES	SAFRAS	LOCALIDADE		
		VIDEIRA	CURITIBANOS	SÃO JOAQUIM
Aromera	2018/2019	29/01/2019	19/02/2019	25/02/2019
	2019/2020		28/02/2020	*
	2020/2021		03/03/2021	08/02/2021
Baron	2018/2019	28/01/2019	28/02/2019	25/02/2019
	2019/2020		04/02/2020	*
	2020/2021		28/02/2021	03/02/2021
Bronner	2018/2019	23/01/2019	28/02/2019	13/02/2019
	2019/2020		04/02/2020	*
	2020/2021	27/02/2021	28/02/2021	03/02/2021
Cabernet Cantor	2018/2019	28/01/2019	20/02/2019	13/02/2019
	2019/2020		12/02/2020	*
	2020/2021		26/01/2021	22/02/2021
Cabernet Carbon	2018/2019	23/01/2019	20/02/2019	**
	2019/2020		12/02/2020	*
	2020/2021		26/01/2021	08/02/2021
Cabernet Cortis	2018/2019	23/01/2019	20/02/2019	13/02/2019
	2019/2020		04/02/2020	*
	2020/2021		26/01/2021	03/02/2021
Calandro	2018/2019	28/01/2019	19/02/2019	25/02/2019
	2019/2020		04/02/2020	*
	2020/2021		26/01/2021	03/02/2021
Calardis Blanc	2018/2019	29/01/2019	28/02/2019	25/02/2019
	2019/2020		04/02/2020	*
	2020/2021	15/01/2021	26/01/2021	08/02/2021
Felicia	2018/2019	28/01/2019	28/02/2019	06/02/2019
	2019/2020		27/01/2020	*
	2020/2021		26/01/2021	03/02/2021
Gf.2004-043-0004	2018/2019	28/01/2019	13/03/2019	13/02/2019
	2019/2020		28/02/2020	*
	2020/2021	18/01/2021	28/02/2021	03/02/2021
Gf.2004-043-0010	2018/2019	23/01/2019	20/02/2019	06/03/2019
	2019/2020		28/02/2020	*
	2020/2021		28/02/2021	08/02/2021
Gf.2004-043-0013	2018/2019	24/01/2019	13/02/2019	06/03/2019
	2019/2020		04/02/2020	*
	2020/2021		26/01/2021	08/02/2021
Gf.2004-043-0015	2018/2019	28/01/2019	19/02/2019	06/03/2019
	2019/2020		28/02/2020	*
	2020/2021		04/03/2021	22/02/2021
Gf.2004-043-0021	2018/2019	28/01/2019	13/02/2019	13/02/2019
	2019/2020		27/01/2020	*
	2020/2021		26/01/2021	03/02/2021
Gf.2004-043-0024	2018/2019	28/01/2019	19/02/2019	06/03/2019
	2019/2020		28/02/2020	*
	2020/2021		03/03/2021	22/02/2021
Helios	2018/2019	25/01/2019	20/02/2019	13/02/2019
	2019/2020		12/02/2020	*
	2020/2021	27/02/2021	26/01/2021	22/02/2021
Johanniter	2018/2019	29/01/2019	13/02/2019	25/02/2019
	2019/2020		28/02/2020	*
	2020/2021		28/02/2021	03/02/2021
Prior	2018/2019	29/01/2019	28/02/2019	25/02/2019

Regent	2019/2020		04/02/2020	*
	2020/2021	18/01/2021		22/02/2021
	2018/2019	25/01/2019	19/02/2019	25/02/2019
	2019/2020		04/02/2020	*
	2020/2021	14/01/2021	26/01/2021	08/02/2021
Souvignier Gris	2018/2019	23/01/2019	20/02/2019	13/02/2019
	2019/2020		04/02/2020	*
	2020/2021	25/01/2021	04/03/2021	08/02/2021

*Geada, perda de safra; ** Não produziu.

CAPÍTULO 2 – IDENTIFICAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Colletotrichum* spp. ISOLADOS DE SINTOMAS DE PODRIDÃO DA UVA MADURA

Resumo

Embora *Colletotrichum gloeosporioides* (sin. *Glomerella cingulata*) seja frequentemente citado na literatura como o principal agente causal da podridão da uva madura, outras espécies pertencentes aos complexos *acutatum* e *boninense* também têm sido associadas à doença. O objetivo deste estudo foi identificar as espécies de *Colletotrichum* spp. associadas à podridão da uva madura em diferentes regiões do Estado de Santa Catarina. Foram coletados 327 isolados a partir de cachos sintomáticos em vinhedos de 15 municípios catarinenses, além de áreas nos Estados do Paraná e do Rio Grande do Sul. A caracterização morfológica dos isolados incluiu avaliação de textura, coloração e diâmetro das colônias. A identificação molecular foi conduzida por meio de análise filogenética baseada no método de Máxima Verossimilhança (ML), utilizando sequências concatenadas de múltiplos marcadores. A análise do crescimento micelial por regressão polinomial de segundo grau permitiu classificar 32 isolados em grupos com crescimento elevado, intermediário ou reduzido. Isolados como GLUR01 e GLUR62 apresentaram os melhores ajustes ($R^2 = 0,98$), demonstrando crescimento acelerado e estável, enquanto GLPP30 exibiu maior assíntota, mas com crescimento tardio. A topologia da árvore filogenética apresentou forte concordância com o cladograma conceitual, confirmando a alocação dos isolados nos complexos *acutatum* e *gloeosporioides*. O uso de dados multilocus, aliado ao suporte por valores de bootstrap, conferiu maior robustez à delimitação das espécies, ao mesmo tempo em que destacou casos de posicionamento ambíguo que requerem investigação adicional. A integração entre dados morfológicos, moleculares e fisiológicos evidenciou a diversidade genética e fenotípica dos isolados de *Colletotrichum* spp., ressaltando a importância de abordagens multidisciplinares para o diagnóstico e manejo da podridão da uva madura. A variabilidade intra e interespecífica observada reforça a necessidade de estratégias de controle regionalizadas, considerando a composição populacional local e suas respostas diferenciais ao ambiente e ao manejo. Visando aumentar a resistência genética e esta doença, os programas de melhoramento têm agora que levar em conta distintas interações das variedades de videiras com os isolados de distintas espécies de *Colletotrichum*, o que exigirá estratégias complementares e um longo tempo.

Palavras-chave: *Colletotrichum* spp., diversidade genética, morfologia, identificação molecular.

ABSTRACT

Although *Colletotrichum gloeosporioides* (syn. *Glomerella cingulata*) is widely reported in the literature as the main causal agent of ripe rot in grapes, other species from the *acutatum* and *boninense* complexes have also been associated with the disease. This study aimed to identify the species of *Colletotrichum* spp. responsible for ripe rot in grapevines across different regions of the state of Santa Catarina, Brazil. A total of 327 isolates were obtained from symptomatic grape clusters collected from vineyards in 15 municipalities of Santa Catarina, as well as from selected locations in the states of Paraná and Rio Grande do Sul. Morphological characterization included colony texture, color, and diameter. Molecular identification was performed using phylogenetic analysis by Maximum Likelihood (ML), based on concatenated sequences of multiple genetic markers. Mycelial growth modeling using second-degree polynomial regression enabled the classification of 32 isolates into high, intermediate, or low growth groups. Isolates GLUR01 and GLUR62 showed excellent model fit ($R^2 = 0.98$), indicating rapid and stable growth, while GLPP30 reached a higher asymptote but exhibited delayed development. The resulting phylogenetic tree showed strong agreement with the conceptual cladogram, confirming the allocation of isolates into the *acutatum* and *gloeosporioides* species complexes. Multilocus sequence data combined with bootstrap support provided robust species delimitation, while also highlighting ambiguous cases requiring further investigation. The integration of morphological, molecular, and physiological data revealed significant genetic and phenotypic diversity among *Colletotrichum* spp. isolates. These findings reinforce the need for multidisciplinary approaches in the diagnosis and management of grape ripe rot. The intra- and interspecific variability observed underscores the importance of region-specific control strategies, considering the local fungal population structure and its differential response to environmental and management conditions. In order to increase genetic resistance to this disease, breeding programs now have to take into account different interactions between grapevine varieties and isolates of different *Colletotrichum* species, which will require complementary strategies and a long time.

Keywords: *Colletotrichum* spp., genetic diversity, morphology, molecular identification.

6.1 INTRODUÇÃO

O gênero *Colletotrichum* compreende um grupo de fungos fitopatogênicos amplamente distribuídos, responsáveis por causar doenças em uma variedade de culturas agrícolas de significativa importância econômica (Cannon et al., 2012). Esses patógenos afetam diversos hospedeiros, ocasionando perdas substanciais na produtividade e qualidade dos produtos agrícolas (Hyde et al., 2009). Trata-se de um dos grupos fúngicos mais complexos e estudados, figurando entre os dez mais investigados no campo da fitopatologia, tanto por sua relevância científica quanto econômica (Dean et al., 2012). Além de seu impacto agrícola, as espécies de *Colletotrichum* apresentam diferentes modos de vida, incluindo comportamentos saprofíticos, endofíticos (Araújo et al., 2018), hemibiotróficos, e, em alguns casos, patogênicos a humanos (Cano et al., 2004; Shivaprakash et al., 2011).

As primeiras tentativas de classificação do gênero remontam a Von Arx (1957), que, com base em características morfológicas, reduziu o número de espécies de aproximadamente 750 para apenas 11. Atualmente, a identificação taxonômica do grupo se apoia em uma abordagem polifásica, que integra análises morfológicas e filogenéticas baseadas em múltiplos locos gênicos (Cai et al., 2009). Essa metodologia molecular aumenta a confiabilidade na delimitação de espécies, permitindo a construção de árvores filogenéticas com isolados provenientes de diferentes regiões geográficas e hospedeiros, viabilizando comparações evolutivas e populacionais.

Entre os marcadores moleculares amplamente utilizados destaca-se a região ITS (espaçador interno transcrito) do DNA ribossomal, útil na separação de complexos de espécies (Hyde et al., 2009; Cannon et al., 2012). No entanto, para a distinção de espécies pertencentes ao mesmo complexo, é necessária a amplificação de genes adicionais, como *GAPDH* (gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase) e *TUB2* (β -tubulina), entre outros, os quais têm se mostrado eficazes na resolução taxonômica (Weir et al., 2012; Damm et al., 2012; Velho et al., 2015; Vieira et al., 2020).

Apesar do avanço das ferramentas moleculares, características fenotípicas, como a taxa de crescimento micelial e a coloração das colônias, ainda representam ferramentas úteis na diferenciação de espécies. Por exemplo, *C. acutatum* apresenta crescimento mais lento que *C. gloeosporioides* (Vinnere, 2004). Além disso, a morfologia de estruturas como conídios, textura e coloração da colônia também auxilia na separação de complexos (Bernstein et al., 1995).

A caracterização do crescimento micelial e da morfologia colonial é essencial para a compreensão do desenvolvimento do fungo, seu comportamento patogênico e sua capacidade adaptativa frente a diferentes condições ambientais. Parâmetros como o Índice de Velocidade de Crescimento Micelial (IVCM), Crescimento Médio Diário (CMD) e as características morfológicas das colônias são frequentemente empregados nessas avaliações (Photita et al., 2005). O IVCM, por exemplo, fornece dados quantitativos sobre a expansão do micélio em meio de cultura, possibilitando comparações entre isolados e condições distintas de cultivo. Já a análise morfológica das colônias fornece subsídios para a identificação e diferenciação entre isolados com base em aspectos visuais como coloração, textura, margens da colônia, estruturas reprodutivas e morfologia dos conídios (Damm et al., 2012; Hyde et al., 2009).

A análise da diversidade genética entre isolados também é de grande importância. A existência de bancos de isolados permite estudos comparativos entre linhagens, contribuindo para a identificação de padrões genéticos associados à virulência, adaptação ambiental e resistência a fungicidas (Cannon et al., 2012). A coleta de isolados em diferentes localidades é igualmente essencial, visto que fatores como clima, hospedeiro e manejo agrícola influenciam a diversidade e agressividade dos patógenos. Dessa forma, a amostragem abrangente permite uma caracterização mais representativa da população de *Colletotrichum*, auxiliando na elaboração de estratégias de manejo mais eficazes (Damm et al., 2012).

O isolamento de *Colletotrichum* é uma etapa fundamental para a obtenção de culturas puras e reprodutíveis em estudos laboratoriais. Esse processo envolve a coleta de tecidos vegetais infectados, desinfestação superficial e cultivo em meios seletivos. Após o crescimento inicial, colônias com morfologia característica são selecionadas, purificadas e submetidas a análises morfológicas e moleculares para sua identificação (Photita et al., 2005).

Diante da relevância científica e econômica do gênero *Colletotrichum* e da necessidade de uma abordagem integrada para sua identificação, o presente estudo tem como objetivo caracterizar, de forma morfológica e molecular, isolados associados à podridão da uva madura coletados em diferentes regiões do estado de Santa Catarina.

6.2 MATERIAL E MÉTODOS

6.2.1 Coleta de material vegetal com sintomas

Foram coletados cachos com sintomas característicos da podridão da uva madura em vinhedos de localidades do Estado de Santa Catarina (SC), Rio Grande do Sul (RS) e Paraná

(PR), que apresentam diferentes condições climáticas e diferentes altitudes (Figura 10, ANEXO 1).

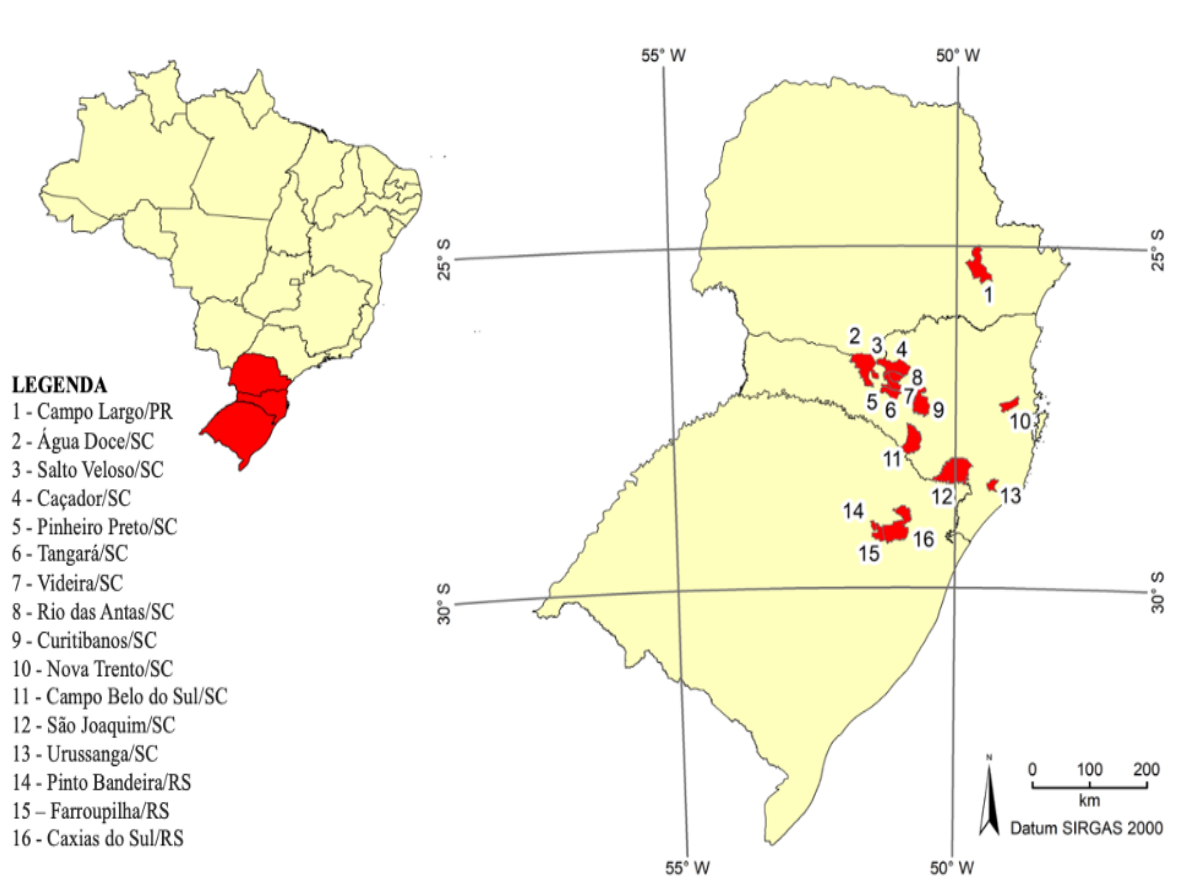


Figura 10. Locais de coleta de amostras de isolados de *Colletotrichum* spp. associados a sintomas de podridão da uva madura da videira. A – Mapa do Brasil com a região Sul em vermelho. B – Mapa da Região Sul com os locais de coleta em vermelho. 1 - Campo Largo/PR, 2 - Água Doce/SC, 3 - Salto Veloso/SC, 4 - Caçador/SC, 5 - Pinheiro Preto/SC, 6 - Tangará/SC, 7 - Videira/SC, 8 - Rio das Antas/SC, 9 - Curitibanos/SC, 10 - Nova Trento/SC, 11 - Campo Belo do Sul/SC, 12 - São Joaquim/SC, 13 - Urussanga/SC, 14 - Pinto Bandeira/RS, 15 - Farroupilha/RS, 16 - Caxias do Sul/RS. Fonte: Locais alocados nos Dados geográficos do IBGE, (2017).

As coleta de amostras, de isolados de *Colletotrichum* spp. associados a sintomas de podridão da uva madura da videira, em Santa Catarina foram feitas nos vinhedos: Vinícola Villaggio Grando, Distrito de Herciliópolis, Água Doce ($-26^{\circ}43'31,73''$, $51^{\circ}30'35,69''$, 1250 m de altitude); Vinícola Abreu Garcia, Campo Belo do Sul; Área Experimental Agropecuária da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Campus de Curitibanos ($-27^{\circ}27'36''$, $-50^{\circ}50'31''$, 1000 m de altitude), Curitibanos; Estação Experimental de São Joaquim (EESJ) ($-28^{\circ}27'42''$, $-49^{\circ}93'11''$, 1354 m de altitude, São Joaquim; Vinícola Suzin, situada a 20 km do centro de São Joaquim ($-28^{\circ}13'59''$, $-50^{\circ}04'13,80''$, 1110 m de altitude); Estação Experimental

de Urussanga (EEUR) (-28°52'75', -49°32'11, 49 m de altitude), Urussanga; Estação Experimental de Videira (EEV) (EPAGRI) (-27°00', -51°09', 840 m de altitude), Videira; Nova Trento (27°15'34', 48°56'54, 78 m de altitude), vinhedo em propriedade particular. As coletas em Salto Veloso, Caçador, Pinheiro Preto, Tangará, Rio das Antas, todas em SC e em Campo Largo, PR, foram realizadas após a colheita da uva diretamente nas caixas acondicionadas em câmara fria, de amostras para vinificação do Ministério da Agricultura. Já as coletas em Pinto Bandeira, Farroupilha e Caxias do Sul, RS, foram feitas por parceiros e enviadas diretamente ao Laboratório de Morfogênese Vegetal do Núcleo de Estudo da Uva e do Vinho (NEUVIN – UFSC).

As variedades de videira, utilizadas neste experimento como fontes de bagas, foram cultivadas em diferentes sistemas de condução (espaldeira, latada, ypsolon) e manejo (convencional, orgânico, com e sem cobertura plástica) (Tabela 1, ANEXO 1). A coleta também incluiu amostras de variedades e seleções de *V. vinifera*, com e sem alelos de resistência a míldio e oídio, e de variedades de *V. labrusca*. As amostras foram levadas a laboratórios de acordo com a estrutura e a capacidade instalada de realização das diferentes análises: NEUVIN para isolamento e conservação dos isolados e Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento Vegetal e Genética Vegetal (LFDGV - UFSC) para extração de DNA, amplificação via PCR e sequenciamento dos amplicons.

6.2.2 Variedades e seleções nas quais foram coletadas os isolados de *Colletotrichum*

As variedades e seleções, o obtentor, a genealogia e o local de cultivo, utilizadas no presente estudo estão disponibilizadas na Tabela 1. Todas as variedades PIWI são oriundas de retrocruzamento modificado, com mais de 90% de genoma de *V. vinifera* (Hilha et al., 2024).

Tabela 1. Variedades, obtentor, parentais e locais de coleta de cachos com sintomas de podridão da uva madura.

Variedades/Seleção	Obtentor	Parentais	Local de avaliação e coleta de amostras
Ancellotta	-	ND*	Curitibanos
Aromera	Inno Vitis	Eger 2 x Muskat Ottonel	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Arinarnoa	INRA	Cabernet Sauvignon x Tannat	Curitibanos

Baron	WBI	Cabernet Sauvignon x Bronner	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Bronner	WBI	Merzling x Geisenheim 6494	Curitibanos, Videira, São Joaquim, Urussanga
Cabernet Cantor	WBI	Chancellor x Solaris	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Cabernet Carbon	WBI	Cabernet Sauvignon x Bronner	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Cabernet Cortis	WBI	Cabernet Sauvignon x Solaris	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Cabernet Franc	INRA	ND*	Curitibanos
Cabernet Sauvignon	INRA	Cabernet Franc x Sauvignon Blanc	São Joaquim
Calandro*	JKI	Domina x Regent	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Caladoc*	INRA	COT x Grenache	Curitibanos
Calardis Blanc*	JKI	Calardis Musque x Seyve Villard 39-639	Água Doce, Curitibanos, Videira, São Joaquim
Chardonnay*	INRA	Heunish Weiss x Pinot Noir	Nova Trento
Felicia	JKI	Sirius x Vidal Blanc	Água Doce, Curitibanos, Videira, São Joaquim, Urussanga
Fleurtaí	VCR/UD	Tocai x 20-3	Videira
Gf.2004-043-0004	JKI	ND*	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Gf.2004-043-0010	JKI	ND*	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Gf.2004-043-0013	JKI	ND*	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Gf.2004-043-0015	JKI	ND*	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Gf.2004-043-0021	WBI	ND*	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Gf.2004-043-0024	WBI	ND*	Água Doce, Curitibanos, Videira, São Joaquim
Helios	WBI	Merzling x Freiburg -986-60	Água Doce, Curitibanos, Videira, São Joaquim
Isabel*	EUA	<i>Vitis labrusca</i> x Meslier petit	Videira, Pinheiro Preto
Johanniter	WBI	Resling x Freiburg 589-54	Curitibanos, Videira, São Joaquim
Malbec*	INRA	Magdeleine Noire des Charentes x Prunelard	Curitibanos
Marselan*	INRA	Cabernet Sauvignon x Grenache	Curitibanos, Nova Trento

Merlot*	-	Magdeleine Noire des Charentes x Cabernet Franc	Videira
Moscato Bianco	-	ND*	Curitibanos
Nero D'avola	-	ND*	Curitibanos
Niágara	-	Champion x Lucile	Curitibanos, Pinheiro Preto

PIWI; Inno Vitis, Itália; JKI, Alemanha; WBI, Alemanha; VCR (Vivai Cooperativi Rauscedo), Itália; UD (Università degli Studi di Udine, Itália; INRA (Institut National de la Recherche Agronomique-Bordeaux França); Fonte: VIVC, 2018. ¹ VIVC. ² Boursiquot et al. (2009). ³ Conhecida em Piemont desde 1658 como Fermentino, posteriormente como Favorita (Raimondi et al., 2020). *Pedigree confirmado via marcador molecular. ND* Não disponível.

6.2.3 Isolamento de *Colletotrichum* spp.

No isolamento de *Colletotrichum* spp. foram utilizadas bagas com sintomas característicos de podridão da uva madura que foram cortadas em pedaços de 1 ou 2 mm, após cortadas foram desinfetados por 1 min em hipoclorito 2,5% e lavados em água destilada autoclavada. Posteriormente, as bagas cortadas foram secas em papel filme dentro da câmara de fluxo laminar, depositadas em placa de Petri com meio Mathur (Mathur et al., 1950), constituído por peptona (2,0 g/L), dextrose (2,8 g/L), sulfato de magnésio - MgSO₄ (1,73 g/L), fosfato monopotássico - KH₂PO₄ (2,72 g/L) e ágar (20 g/L).

As bagas que apresentavam esporulação, foram levadas a lupa, dentro do fluxo laminar, com lamparina para esterilização da agulha, o sintoma foi pescado diretamente e levado a placa com meio Mathur e, posteriormente, acondicionadas à 25°C com fotoperíodo de 12 h por 4 dias em BOD, realizando assim o isolamento direto.

Para o isolamento monospórico de *Colletotrichum* spp. foi utilizada a metodologia descrita por Dhingra e Sinclair (1994). Uma pequena região da esporulação de cada uma das colônias foi coletada com agulha e colocada em microtubos, juntamente com 1,0 ml de água estéril. Na câmara de Neubauer foi estimada a concentração de conídios. Em seguida, foi pipetado 10 µl das soluções em duas placas de Petri contendo meio de cultura Ágar-Ágar (AA) (6 g/L), sendo espalhados com o auxílio de uma alça de Drigalsky, previamente esterilizada. Posteriormente, as placas de Petri foram mantidas em fluxo laminar, inclinadas por 2 h à temperatura ambiente. Encerrado o período de incubação, um conídio germinado de cada isolado foi pego com o auxílio de uma agulha de 12,7 x 0,3 mm utilizando o microscópio óptico. O conídio de cada isolado foi transferido para placa de Petri contendo meio de cultura PDA (Potato Dextrose Ágar, 39 g/L), seguido de incubação por 5 dias, a 25°C e 12h de fotoperíodo (Echeverrigaray et al., 2020). Os isolados monospóricos foram plaqueados em PDA com discos

de papel filtro na superfície, onde foram replicados os isolados. Após 7 dias, os isolados replicados em papéis filtro no formato de discos, foram retirados, secados dentro da câmara de fluxo, colocados em microtubos com sílica e conservados em papel filtro até o momento do seu uso em um recipiente com sílica gel à -4°C.

6.2.4 Patogenicidade - Postulado de Koch

A confirmação da patogenicidade dos isolados foi realizada com base na metodologia clássica proposta por Koch (1890), com adaptações para fungos fitopatogênicos conforme descrito por Agrios (2005) e Scholthof (2007). Os postulados consistem em um conjunto de critérios que permitem estabelecer a relação causal entre um microrganismo e a doença observada no hospedeiro.

Após a observação da associação do patógeno com os sintomas, isolamento e cultivo do microrganismo foi realizada a inoculação e reprodução dos sintomas. Conídios obtidos da cultura pura foram suspensos em água destilada estéril ($\pm 10^6$ conídios/mL), inoculado em tecidos sadios de frutos, previamente desinfestados. Para alguns tratamentos, realizou-se ferimento superficial com agulha estéril. As amostras inoculadas foram mantidas em câmara úmida (25°C e >90% UR) por até 7 dias. A observação da reprodução dos sintomas característicos foi registrada.

Após, o reisolamento, comparação do patógeno e desenvolvimento dos sintomas, foi realizado novo isolamento a partir dos tecidos inoculados. O fungo reisolado foi comparado ao isolado original com base em características morfológicas e crescimento em meio BDA, conforme descritivo de Sutton (1992). A coincidência morfológica confirmou a identidade do patógeno, completando os postulados de Koch.

6.2.5 Caracterização morfológica dos isolados de *Colletotrichum* spp.

Na avaliação das características morfológicas do *Colletotrichum* spp. de cada isolado, os discos de 5 mm de diâmetro conservados na etapa anterior, contendo estruturas fúngicas, foram transferidos para o centro da placa de Petri (9 cm de diâmetro), contendo meio de cultura PDA. Após, as placas foram incubadas a 25°C com um fotoperíodo de 12 h, com quatro repetições para cada isolado, sendo de um total de 149 isolados, 28 representativos do grupo para avaliação do crescimento de oito distintos locais. Foram avaliadas textura e cor, após o

sétimo dia de crescimento, com o auxílio da cartela micológica de Rayner (1970). O crescimento micelial foi obtido por meio de medições diárias da colônia, com o auxílio do paquímetro digital. As medições foram realizadas por sete dias consecutivos, e em seguida, foi determinado o Índice de Velocidade de Crescimento Micelial (IVCM) do fungo, pela fórmula de Maguire (1962), a qual foi adaptada por Oliveira (1991):

$$IVCM = \sum ((D - DA)/N)$$

Onde:

IVCM = Índice de Velocidade do Crescimento Micelial,

D = Diâmetro médio atual da colônia,

DA = Diâmetro médio da colônia do dia anterior,

N = Número de dias após a inoculação.

O IVCM foi usado para calcular a curva de crescimento para cada isolado, curva esta que é proporcional ao crescimento médio da colônia (mm) ao longo do tempo (7 dias). Com as curvas de crescimento, obtidas com o uso da regressão polinomial de segundo grau, foi possível comparar os crescimentos dos isolados dentro dos complexos. Nesta análise estatística foram considerados os dias de avaliação e o crescimento. Para a análise de regressão, foi utilizado uma amostra representativa com 28 isolados, selecionados a partir do agrupamento pelas suas características, que envolveu a coleta de dados sobre variáveis independentes e a variável dependente para cada isolado. A metodologia de análise de regressão com 28 isolados envolveu a coleta de dados das variáveis independentes e dependentes para cada isolado, com o objetivo de entender as relações entre elas. O ajuste do modelo foi realizado por meio da estimação dos coeficientes de regressão (β), com a avaliação da precisão das estimativas através do erro padrão (SE). Para testar a significância das variáveis explicativas, foi utilizado o valor-p, considerando como significativas aquelas com p-valor inferior a 0,05. A qualidade do modelo foi avaliada utilizando o coeficiente de determinação (R^2), que indica a proporção da variabilidade explicada, e o erro padrão da estimativa (SEE), que mede a dispersão dos dados em relação ao modelo. Para um ajuste mais refinado, foi analisada a taxa de crescimento das variáveis, considerando como elas se comportam ao longo do tempo. O erro quadrático médio (RMSE) foi calculado para avaliar a precisão do modelo, com valores menores de RMSE indicando um bom ajuste. Ajustes adicionais do modelo foram realizados, como a inclusão ou exclusão de variáveis, para garantir o melhor desempenho possível, utilizando critérios como AIC (Akaike Information Criterion) e BIC (Bayesian Information Criterion) para selecionar o modelo mais

adequado. Essas métricas garantiram uma avaliação robusta e a escolha do modelo mais preciso para as variáveis estudadas (Hastie et al., 2009; Burnham; Anderson, 2002).

6.2.5 Caracterização molecular e análise da diversidade genética de isolados *colletotrichum* spp.

A extração de DNA genômico dos isolados conservados foi obtido pelo método de Doyle e Doyle (1987) com modificações (ANEXO 2), para posterior quantificação (ANEXO 3). Regiões do DNA extraído foram amplificadas com marcadores específicos para os genes (Tabela 2) ITS, GAPDH, CAL, CHS, ACT, TUB, LSU e GS, utilizando-se os primers ITS-1F (Gardes; Bruns 1993) e ITS-4 (White et al., 1990), GDF1 e GDR1 (Templeton *et al.*, 1992), CLC1 e CLC2 (Weir et al., 2012), CHS-79F e CHS-354R (Carbone; Kohn, 1999), ACT-512F e ACT-783R (Carbone; Kohn, 1999), T1 e T2 (O'Donnel et al., 1997), N1 e D2 (O'Donnell et al., 1997) e GSF1 e GSF3 (Stephenson et al., 1997), respectivamente. As reações em cadeia de polimerase (PCR) foram realizadas nas seguintes condições de temperatura: 94°C por 3 min, seguido por 35 ciclos de 94°C por 30 s, anelamento à 60°C por 30 s para β TUB e ACT e 57°C por 30 s para ITS, GAPDH, CHS e LSU, 58°C por 1 min para CAL. 72°C por 1 min seguido da etapa de alongamento final de 10 min a 72°C, realizadas em um volume final de 20 μ l. Os produtos da PCR foram purificados com o uso de polietileno glicol (PEG 8000 – 20% e 2,5 M NaCl), precipitados e verificado a qualidade do amplicon em gel de agarose 1,5% (ANEXO 4). O sequenciamento das regiões amplificadas foi realizado pelo método Sanger (ABI 3500XL), utilizando o Kit de sequenciamento BigDye v.3.1 (Applied Biosystems, EUA) e precipitação com etanol, acetato/EDTA (ANEXO 5). Os eletroferogramas foram avaliados e as sequências editadas manualmente pelo programa BioEdit. As sequências consenso geradas foram comparadas com aquelas depositadas no banco de dados NCBI (National Center for Biotechnology Information web site <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), por meio da ferramenta blast, para confirmação prévia das espécies. Todas as sequências obtidas serão depositadas no banco de dados do GenBank. Além disso, foi criada uma árvore filogenética utilizando os dados genéticos obtidos com esses marcados para *Colletotrichum* spp isolados nesse trabalho e os de outros trabalhos que apresentam dados disponíveis no GenBank.

Tabela 2 - Iniciadores, temperatura de anelamento e tamanho esperado do amplicon utilizados para classificar taxonomicamente os isolados de bagas com sintomas da uva madura.

Identificação	Iniciadores	Temperatura de anelamento	Tamanho esperado do amplicon	Região amplificada	Referências
ITS	ITS-1F e ITS-4	57°C por 30 s	615 bp	ITS-1F TCC GTA GGT GAA CCT GCG G ITS-4 TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC	Brown et al., 1996;
GAPHD	GDF1 e GDR1	57°C por 30 s	308 bp	GDF1 GCC GTC AAC GAC CCC TTC ATT GA GDR1 GGG TGG AGT CGT ACT TGA GCA TGT	Guerber et al., 2003
CAL	CLC1 e CLC2	72°C por 30 s	756 bp	CL1C GAA TTC AAG GAG GCC TTC TC CL2C CTT CTG CAT CAT GAG CTG GAC	Damm et al., 2012
CHS	CH-79F e CHS-354R	57°C por 30 s	229 bp	CHS-79F TGG GGC AAG GAT GCT TGG AAG AAG CHS-354R TGG AAG AAC CAT CTG TGA GAG TTG	Carbone e Kohn, 1999
ACT	ACT-512F e ACT-783R	57°C por 30 s	316 bp	ACT-512F ATG TGC AAG GCC GGT TTC GC ACT-783R TAC GAG TCC TTC TGG CCC AT	Carbone e Kohn, 1999
TUB	T1 e T2	60°C por 30 s	716 bp	AAC ATG CGT GAG ATT GTA AGT	O'Donnell et al., 1997
LSU	N1 e D2	57°C por 30s	258 bp	CGGTACTTGTTTCGCTATCGG	O'Donnell et al., 1997
GS	GSF1 e GSF3	72°C por 30 s	907 bp	GSF1 ATG GCC GAG TAC ATC TGG GSF3 GAA CCG TCG AAG TTC CAC	Stephenson et al., 1997

6.2.6 ANÁLISE FILOGENÉTICA

As sequências de consenso obtidas para cada complexo foram alinhadas e concatenadas com o auxílio do software MEGA 12, sendo editadas manualmente quando necessário, especialmente para remoção de regiões iniciais e finais com ruídos e *gaps*. As sequências das regiões ITS, GAPDH, CAL, CHS, ACT, TUB, LSU e GS obtidas neste estudo e de isolados do gênero *Colletotrichum* disponíveis no GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>), foram utilizadas na análise filogenética e na caracterização da diversidade genética.

Todas as sequências foram alinhadas conjuntamente e a árvore filogenética foi construída por meio dos métodos da Máxima Verossimilhança (ML), utilizando o software IQ-Tree 2. Para construção da árvore foi utilizado como análise um modelo rápido de busca de seleção para estimativas filogenéticas precisas mais reconstrução de árvores com bootstraps ultra rápidos com 10 mil réplicas.

As pontuações do Critério de Informação Bayesiano (BIC), Critério de Informação de Akaike, o valor corrigido (AICc) foram usadas para selecionar o modelo ótimo. A variação da taxa evolutiva entre os sítios foi modelada usando uma distribuição gama discreta (+G) com 5 categorias de taxa e uma fração dos sítios foi permitida ser evolutivamente invariante (+I). Valores assumidos ou estimados de viés de transição/transversão (R) também foram usados para cada modelo. Eles são seguidos por frequências de nucleotídeos (f) e taxas de substituições de bases (r) para cada par de nucleotídeos. A soma das estimativas de r é definida como 1 para cada modelo, facilitando as comparações entre os modelos. As análises de ML foram conduzidas usando uma topologia de árvore gerada automaticamente. O procedimento analítico abrangeu um número de sequências de nucleotídeos codificadores a depender de cada árvore gerada, utilizando posições 1^a, 2^a, 3^a e não codificadoras, com posições no conjunto de dados final. As análises evolutivas foram conduzidas no IQ-Tree por linha de comando, utilizando 8 threads de computação paralela.

Dentre os modelos estatísticos disponíveis (GTR: General Time Reversible; HKY: Hasegawa-Kishino-Yano; TN93: Tamura-Nei; T92: Tamura de 3 parâmetros; K2: Kimura de 2 parâmetros; JC: Jukes-Cantor) foram selecionados os K2P+R2 para ITS; TN+F+G4 para GAPDH; TNe+R2 para CAL e K2P+R2 para CHS quando construída árvore multilocus. Já para a construção da árvore do primer ITS o modelo selecionado foi K2P+R3 e a árvore sem o ITS, os melhores foram HKY+F+G4 para GAPDH; TNe+G4 para CAL e K2P+R3 para CHS.

Como grupo externo (outgroup), foram utilizadas sequências de *Alternaria sp.* e de outras espécies de *Colletotrichum* pertencentes a outros complexos com maior cobertura e similaridade disponíveis no GenBank. As sequências obtidas neste trabalho foram depositadas no GenBank para obtenção dos respectivos códigos de acesso. As árvores foram visualizadas e editadas no software iTOL v7.

6.3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

6.3.1 Banco de Isolados

A coleta de 327 isolados de *Colletotrichum* oriundos de 16 locais e três estados diferentes (Santa Catarina, Paraná e Rio Grande do Sul) representa uma amostra significativa que oferece uma visão abrangente sobre a variabilidade do patógeno em diferentes regiões geográficas. A diversidade espacial dos isolados possibilita a avaliação de diferenças na virulência, resistência a fungicidas, e adaptação às condições ambientais locais, o que é essencial para a compreensão dos padrões epidemiológicos do patógeno e para o desenvolvimento de estratégias de manejo mais eficientes (Sánchez et al., 2018). A coleta de isolados de diferentes regiões geográficas é particularmente importante porque o *Colletotrichum* pode se adaptar a variações ambientais, como temperatura, umidade e práticas agrícolas específicas, resultando em populações distintas que podem ter níveis variados de agressividade ou resistência a tratamentos (González et al., 2019).

Além disso, a criação e manutenção de um banco de isolados é uma estratégia vital para a pesquisa contínua e o monitoramento da dinâmica evolutiva do patógeno. Esses bancos permitem o armazenamento e a preservação de cepas representativas de diversas populações ao longo do tempo, o que facilita análises comparativas e a identificação de novas características biológicas e moleculares, como resistência a fungicidas ou alterações nos padrões de infectividade. A caracterização morfológica dos isolados, como o estudo das estruturas reprodutivas, como conídios e apotécios, também desempenha um papel crucial na identificação e diferenciação das linhagens, contribuindo para a melhor compreensão da variabilidade do patógeno. A combinação de abordagens morfológicas com a análise molecular torna possível identificar características distintivas que ajudam a diferenciar as populações locais de *Colletotrichum* (Silva et al., 2020).

Para confirmar a relação causal entre *Colletotrichum* e as doenças observadas, os postulados de Koch foram seguidos, com a realização de inoculações controladas, reprodução dos sintomas e reisolamento do patógeno nas plantas infectadas, o que reforça a validade dos

resultados obtidos (Koch, 1876). A caracterização morfológica foi essencial para a identificação dos sintomas causados por diferentes isolados, pois, além das evidências experimentais, a análise das estruturas do patógeno permitiu correlacionar as variações morfológicas com os padrões de agressividade e resistência observados. Além disso, um banco de isolados têm um papel fundamental no controle e na vigilância fitossanitária.

Por meio do armazenamento de amostras representativas, é possível identificar linhagens emergentes de *Colletotrichum* com maior capacidade de causar danos, detectar mudanças na resistência a fungicidas e monitorar a evolução do patógeno frente a novas estratégias de controle. A utilização de um banco de isolados, portanto, contribui diretamente para o desenvolvimento de abordagens mais específicas e eficazes de manejo integrado, tornando-se uma ferramenta essencial para a proteção das culturas e a prevenção de danos econômicos a longo prazo (Sánchez et al., 2018; Silva et al., 2020).

6.3.2 Caracterização morfológica

6.3.2.1 Características culturais da colônia

As características morfológicas foram analisadas em colônias de 149 isolados (Figuras 2 e 3, Tabela 2). Nestas foram realizadas avaliações visuais da cor com o uso da Cartela Micológica de Rayner (1970), com adaptações. Dos 149 isolados, 16 apresentaram cor salmão na parte superior e inferior da placa, três isolados tiveram variação na parte inferior (Tabela 2, Figura 2 A), 11 isolados com a cor laranja e 19 com a coloração creme na parte superior e inferior, 5 com a coloração creme superior e inferior salmão, três isolados com coloração creme superior e variação de acinzentado, marrom e alaranjado na parte inferior, sendo estas colônias que apresentaram mudanças na coloração de creme para cinza-escuro (acinzentado) durante o período de avaliação (Figura 2 B) e também da cor creme para laranja-claro (Figura 2 C). Foram verificadas variações na morfologia, como a presença de setores (Figura 3 A; B; C; D). Até o momento, três morfotipos foram encontrados no presente estudo, sugerindo a existência de mais de uma espécie de *Colletotrichum* spp. nos sintomas da podridão da uva madura.

Na literatura, isolados de *Colletotrichum* spp., obtidos de *Annona* spp., foram agrupados no complexo *C. acutatum* aqueles que apresentaram coloração salmão com conídios cilíndricos, retos e fusiforme; no complexo *C. boninense* aqueles que apresentaram coloração marrom escuro e também cinza-claro, com conídios cilíndricos clavados, e no complexo *C. gloeosporioides* foi observada uma grande variação na coloração (marrom-claro, cinza-escuro, cinza-claro, salmão, branco) (Almeida, 2015). O estudo de Hayer (2010) dividiu as colônias de *Colletotrichum* spp. isoladas de *Hevea brasilienses* em dois grupos quanto a sua coloração, o

primeiro com coloração laranja-cinza a laranja e o segundo grupo apresentou coloração cinza claro.

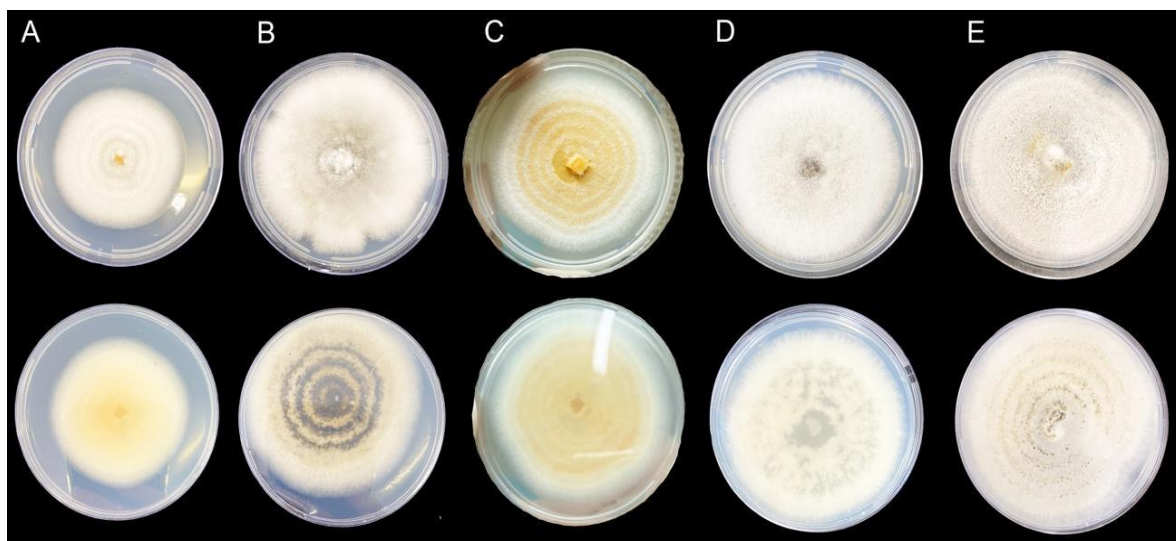


Figura 2. Coloração das colônias de *Colletotrichum* spp. da podridão da uva madura (A, D, E- *C. acutatum*; B e C – *C. gloeosporioides*).

A coloração das colônias tem sido usada como um dos critérios para distinguir os isolados de *Colletotrichum*. Neste sentido, as colônias com coloração rosada à alaranjada têm sido classificadas como *C. acutatum* e os isolados que apresentaram colônias com coloração acinzentada como *C. gloeosporioides* (Bernstein et al., 1995).

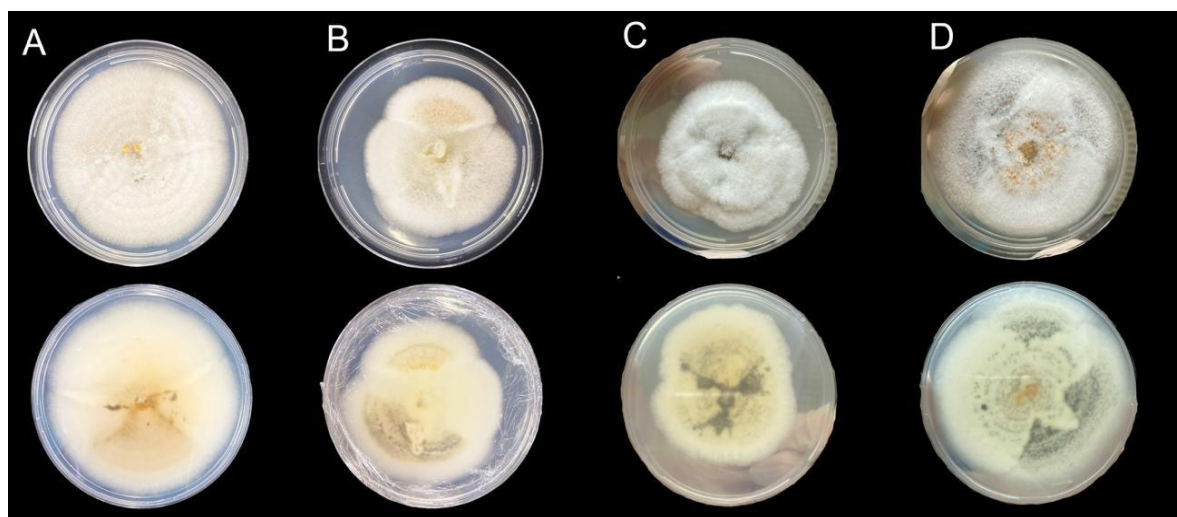


Figura 3. Coloração das colônias de *Colletotrichum* spp., de isolados da podridão da uva madura, que formaram setores ou variação no morfotipo. (A, B – *C. acutatum*; C, D – *C. gloeosporioides*);).

O presente estudo revelou ainda que dos 149 isolados já avaliados morfológicamente, 21 formaram colônias baixas, 23 apresentaram crescimento rente à superfície do meio de

cultura, com uma fina camada de micélio na parte superior da cultura. Embora dois comportamentos de colônias relacionados a altura da mesma foram verificados, não houve relação entre essa característica e o local de origem dos isolados.

Tabela 2. Características culturais e morfologia dos conídios de 149 isolados de *Colletotrichum* spp. provenientes de cinco diferentes localidades de SC.

Coloração		Isolado
Superior	Inferior	
Acinzentado	Laranja	GLNT211, GLUR03, GLUR04, GLUR05, GLUR06, GLUR07, GLUR185, GLUR186, GLUR187, GLUR188, GLUR333, GLVI16, GLVI17, GLVI34, GLVI37, GLVI71, GLVI72, GLVI73, GLVI74, GLVI81, GLVI84, GLVI85, GLVI189, GLVI202, GLVI203, GLVI206, GLVI221, GLVI222, GLVI223, GLVI224, GLVI225, GLVI226, GLVI227, GLVI228
Acinzentado	Marrom	GLNT160, GLNT210, GLNT212, GLUR145, GLUR147, GLVI310
Creme	Laranja	GLNT209
Salmão	Marrom	GLNT213
Laranja	Laranja	GLVI13, GLVI31, GLVI88, GLAD89, GLVI10, GLPP21, GLPP22, GLPP30, GLPP32, GLSJ117, GLSJ130
Salmão	Laranja	GLVI35, GLCU65
Creme	Marrom	GLUR62
Acinzentado	Acinzentado	GLVI19, GLVI33, GLVI41, GLVI87, GLVI191, GLVI198, GLCC317, GLCC323, GLVI14, GLVI15, GLVI18, GLVI35, GLVI36, GLVI38, GLVI39, GLVI40, GLVI86, GLVI87, GLNT200, GLCU201, GLVI204, GLVI205, GLVI216, GLVI217
Creme	Creme	GLVI190, GLCU53, GLAD230, GLAD232, GLAD233, GLAD234, GLAD236, GLAD237, GLUR01, GLUR313, GLUR334, GLNT214, GLUR02, GLCU47, GLCB91, GLCB92, GLCB95, GLSJ96, GLCB318
Creme	Salmão	GLVI192, GLVI325, GLAD235, GLAD82, GLNT311

Acinzentado	Salmão	GLVI193, GLRA327, GLTG326, GLAD258, GLAD154, GLAD304, GLAD306, GLNT161, GLSJ106, GLSJ116, GLSJ166, GLUR328, GLUR329, GLUR332, GLUR334, GLUR335
Acinzentado	Creme	GLVI229, GLSV319, GLTG320, GLTG321, GLTG324, GLCU174, GLAD231, GLAD303, GLNT162, GLUR330, GLUR331, GLVI11, GLVI12
Marrom	Marrom	GLCC309
Salmão	Salmão	GLUR08, GLVI09, GLNT42, GLNT43, GLNT44, GLNT45, GLCU46, GLUR62, GLCU65, GLVI70, GLAD75, GLAD76, GLAD83, GLAD90, GLSJ97, GLAD305
Creme	Acinzentado	GLNT199
Legenda: AD - Água Doce, UR - Urussanga, NT- Nova Trento, VI - Videira, PP - Pinheiro Preto, SJ - São Joaquim, CU - Curitibaanos, CB -Campo Belo, TG - Tangará, SV - Salto Veloso.		

6.3.3 Índice de velocidade de crescimento micelial (IVCM)

Os boxplots da Figura 4 incluem a mediana, os quartis e a dispersão dos dados da taxa de crescimento dos 28 isolados representativos analisados. A presença de *outliers*, indicados por pontos individuais posicionados acima ou abaixo dos limites das caixas, evidencia possíveis variantes extremos em termos de taxa de crescimento. Esse tipo de representação gráfica possibilita a comparação entre os isolados, destacando aqueles com crescimento mais homogêneo e aqueles que apresentam maior variabilidade nos dados.

Os resultados indicaram a existência de variação significativa na taxa de crescimento entre os isolados analisados. Alguns deles apresentam valores mais homogêneos e centralizados, sugerindo um crescimento mais estável e previsível. Em contrapartida, outros exibem ampla dispersão dos dados, com a presença de valores dispersos da média, indicando um comportamento de crescimento mais heterogêneo. Além disso, foi verificada diferenças na magnitude da taxa de crescimento, com isolados apresentando valores mais elevados, enquanto outros demonstram crescimento reduzido. Essas variações podem estar associadas a diferenças genéticas, fisiológicas ou ambientais, influenciando o desempenho e a adaptabilidade de cada isolado às condições experimentais avaliadas.

Os isolados GLSJ117, GLSJ96 e GLUR08, apresentaram ampla amplitude interquartil, indicando elevada variabilidade nos valores de crescimento. Além disso, a presença de valores discrepantes para colônias do mesmo isolado sugere a ocorrência de indivíduos com taxas de crescimento substancialmente superiores à média, possivelmente resultantes de fatores

genéticos, fisiológicos ou ambientais. Em contraste, isolados como GLVI09, GLVI19 e GLPP21 exibem caixas mais compactas, refletindo menor dispersão dos dados e um comportamento de crescimento mais homogêneo, o que sugere maior estabilidade no desenvolvimento microbiológico desses isolados.

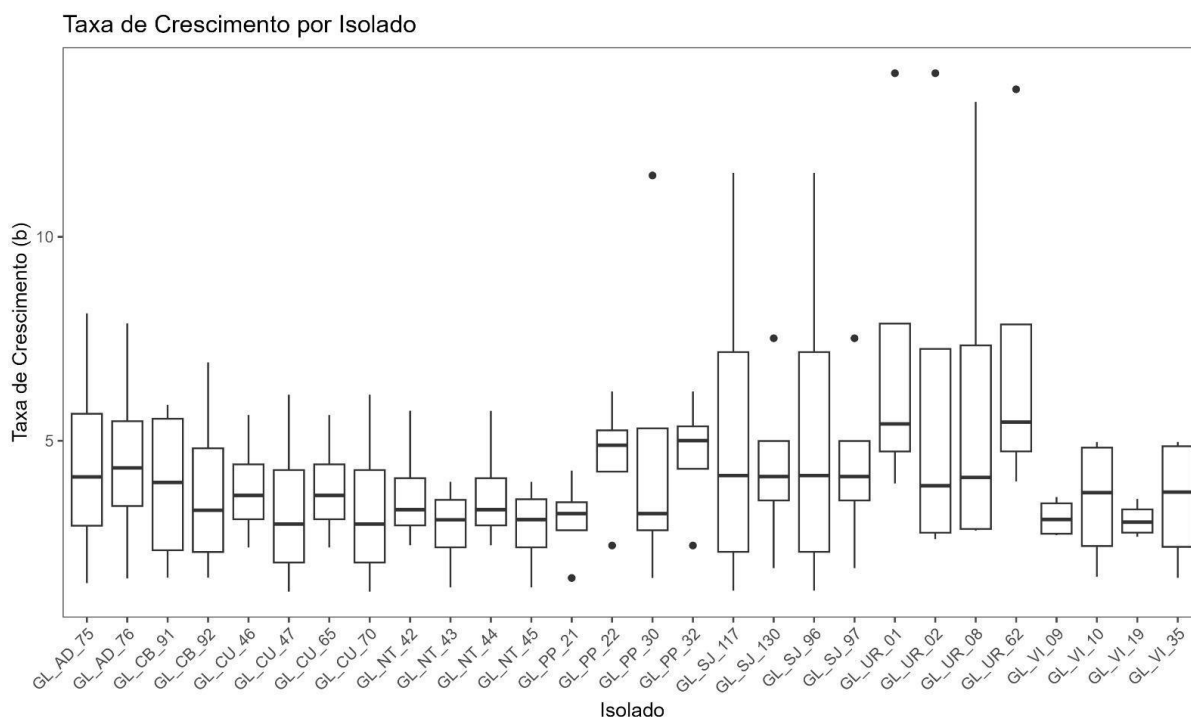
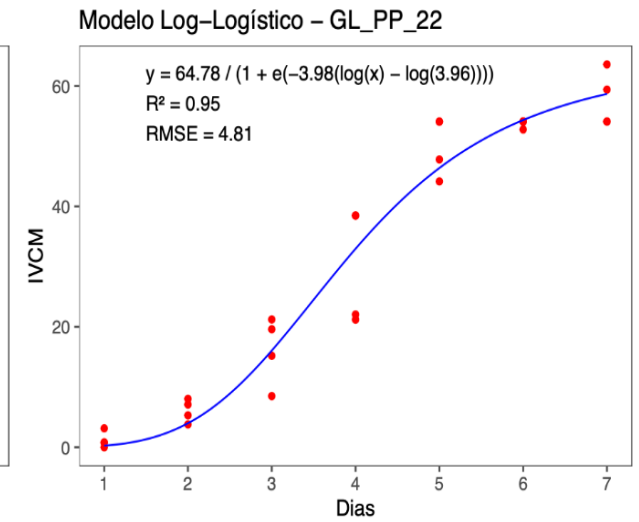
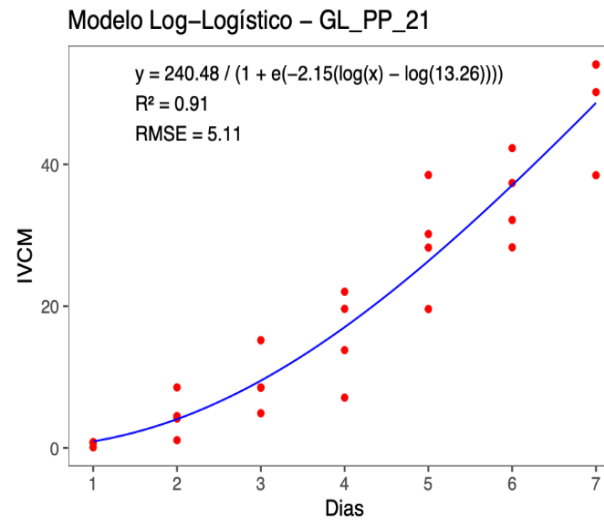
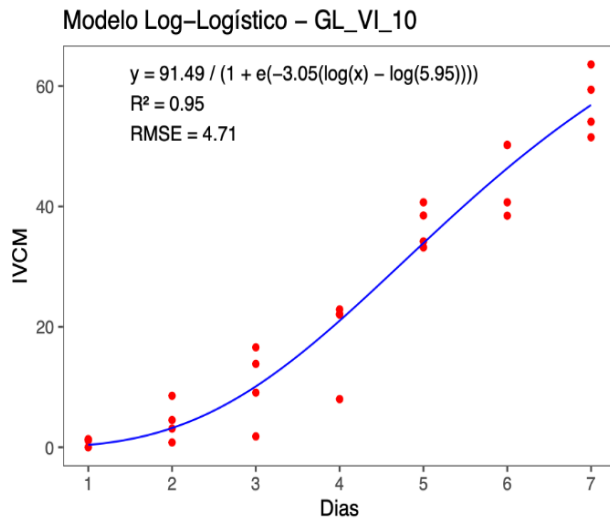
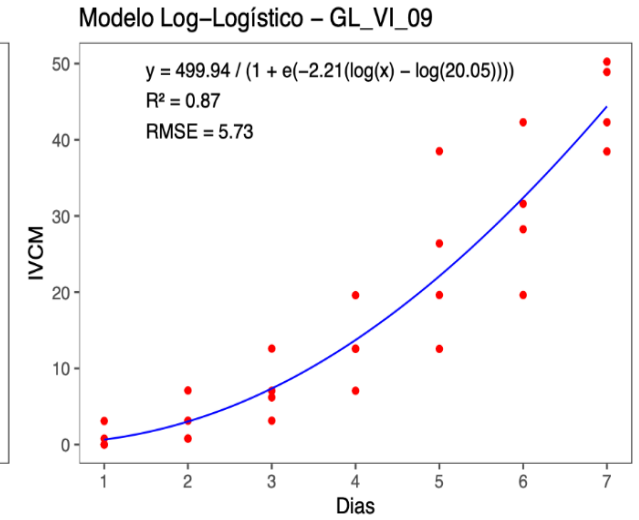
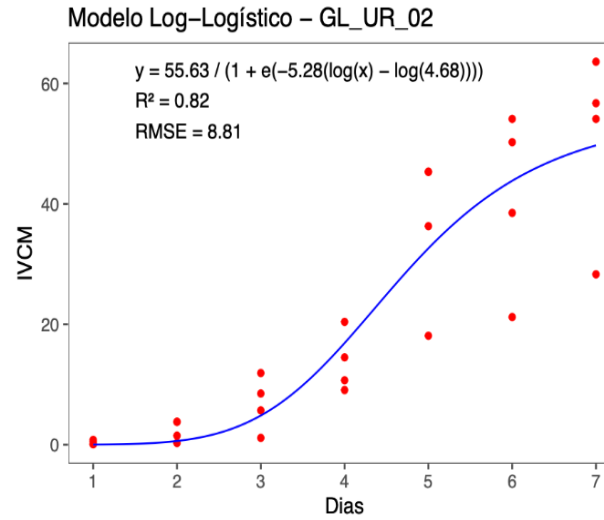
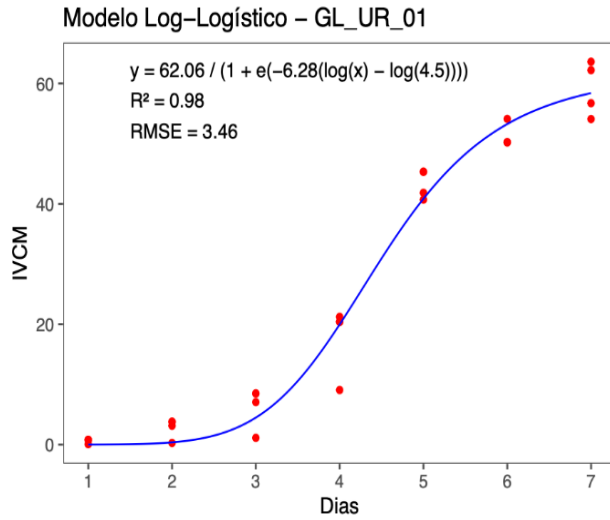


Figura 4. Taxa de Crescimento após sete dias em meio de cultura de diferentes isolados de *Colletotrichum* spp. coletados em bagas com sintoma da podridão da uva madura.

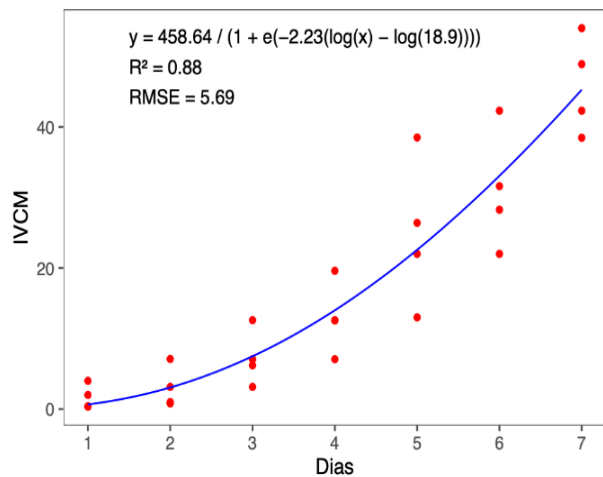
A formação de diferentes grupos estatísticos indica a existência de variabilidade genética entre os isolados, a qual pode estar relacionada a diferenças no comportamento patogênico, na adaptação a distintos ambientes e na virulência. Essa heterogeneidade sugere que fatores genéticos desempenham um papel fundamental na diversidade fenotípica observada. Dessa forma, a utilização de técnicas complementares, como estudos de caracterização genética e molecular, pode fornecer informações mais detalhadas sobre os mecanismos subjacentes à variabilidade entre os isolados, auxiliando na compreensão de suas implicações biológicas e epidemiológicas (Oliveira, 1991; Van Kan, 2006).

O ajuste dos valores do Índice de Velocidade de Crescimento Micelial (IVCM) de diferentes isolados de *Colletotrichum* ao longo do tempo, foi obtido com o modelo logarítmico, que melhor descreve o crescimento micelial de 28 isolados de *Colletotrichum* spp., causadores da podridão da uva madura (Figura 5). Esse tipo de modelo é apropriado para descrever crescimentos limitados ou assintóticos, onde o crescimento rápido inicial é seguido por uma

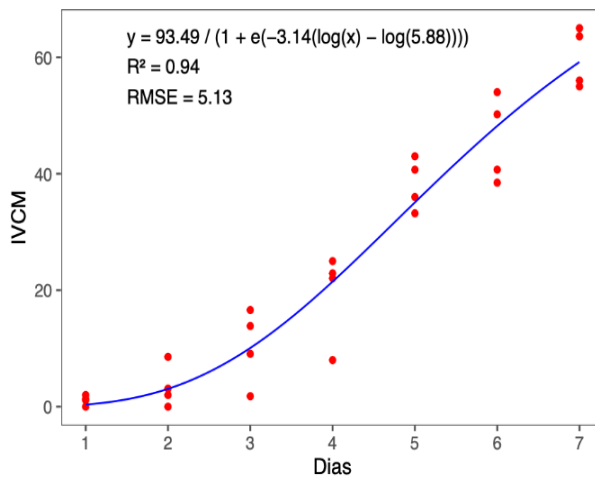
fase de estabilização à medida que fatores limitantes, como espaço ou nutrientes, começam a restringir o desenvolvimento.



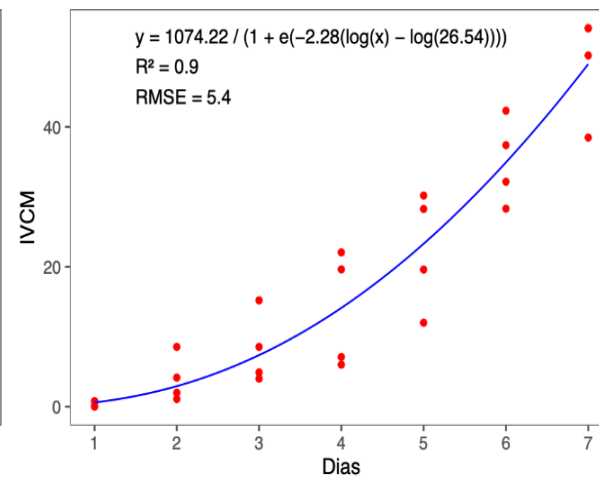
Modelo Log-Logístico – GL_VI_19



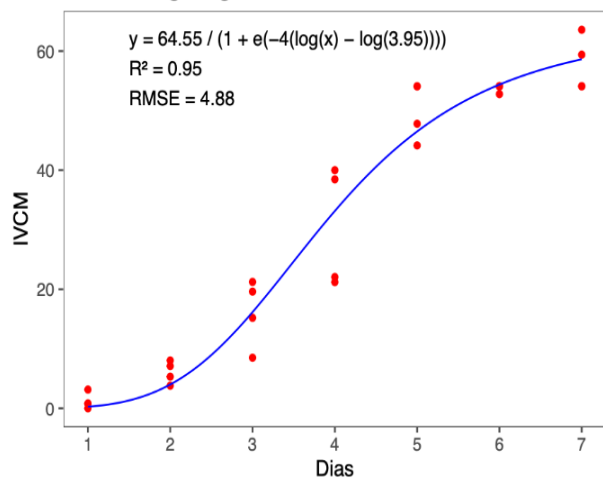
Modelo Log-Logístico – GL_VI_35



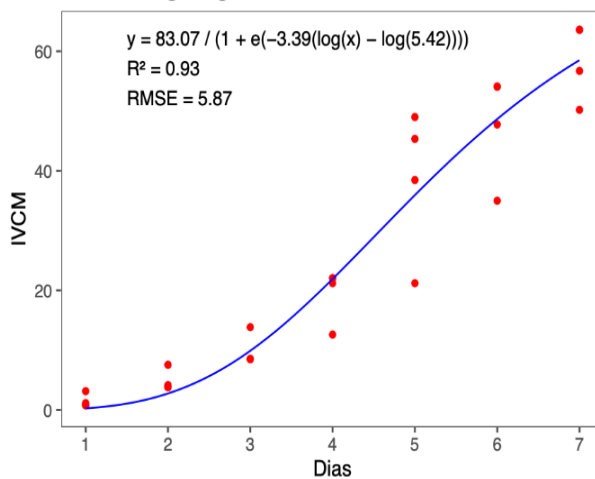
Modelo Log-Logístico – GL_PP_30



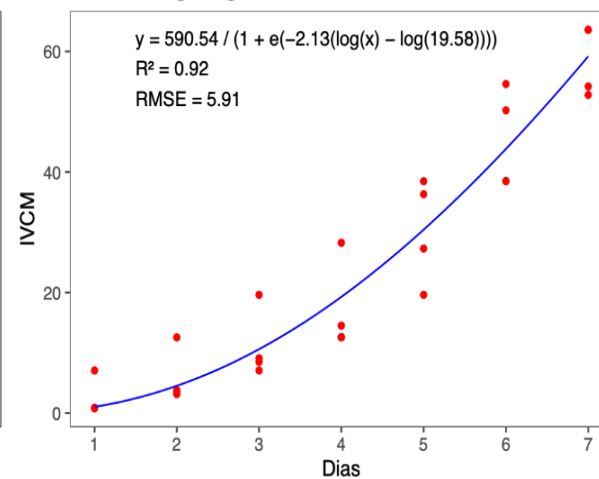
Modelo Log-Logístico – GL_PP_32

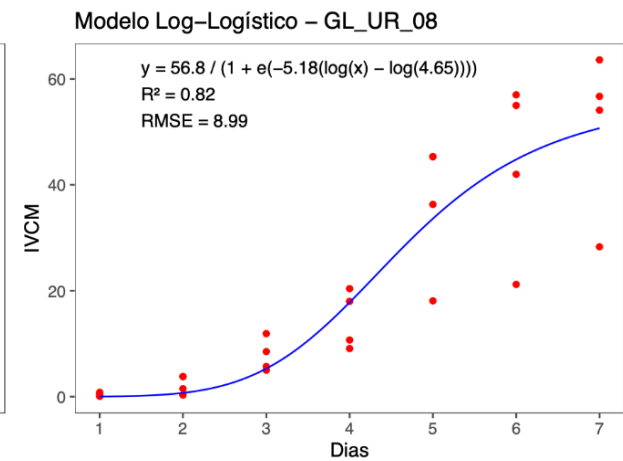
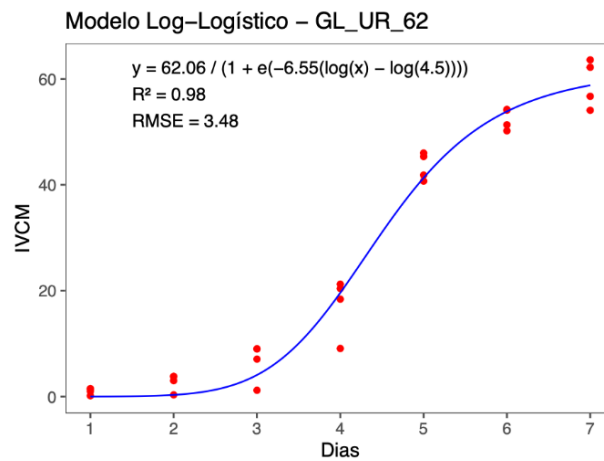
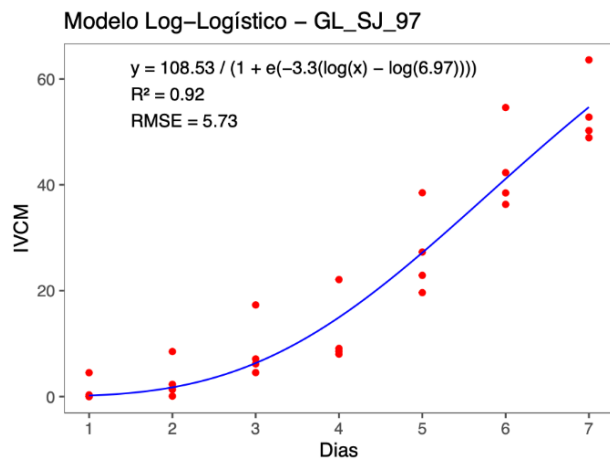
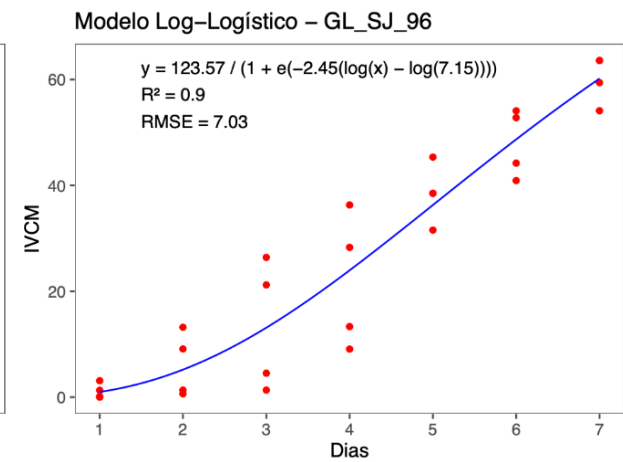
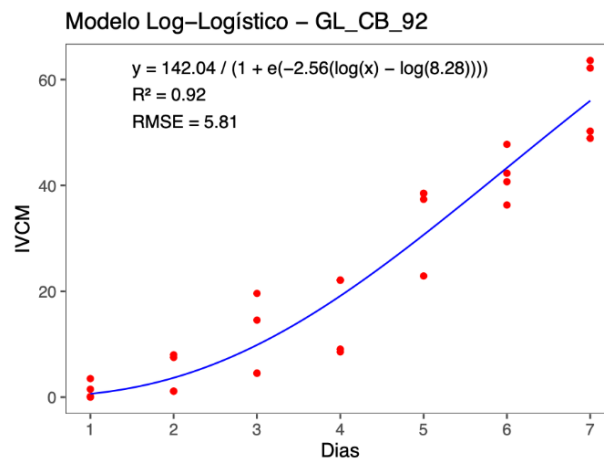
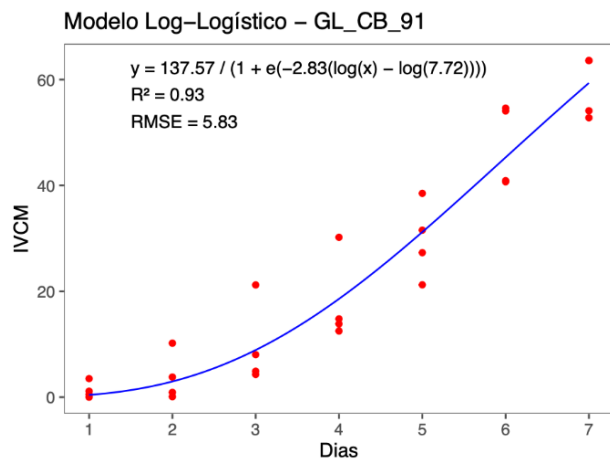


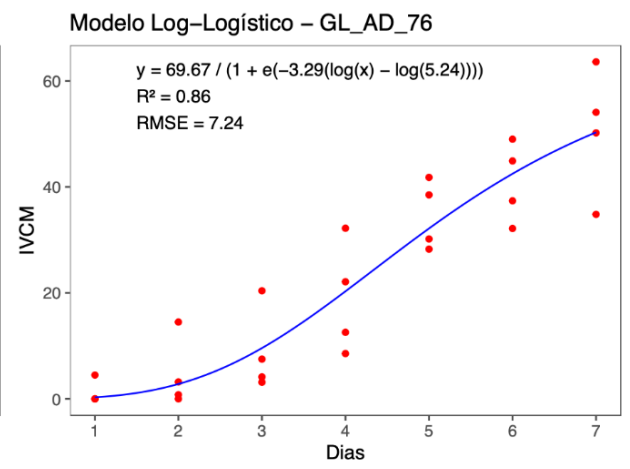
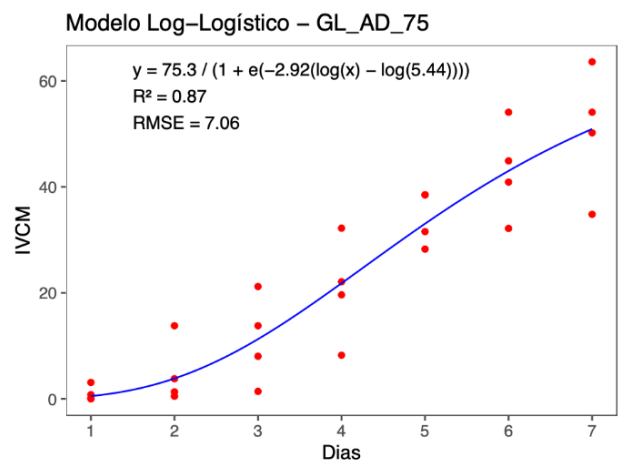
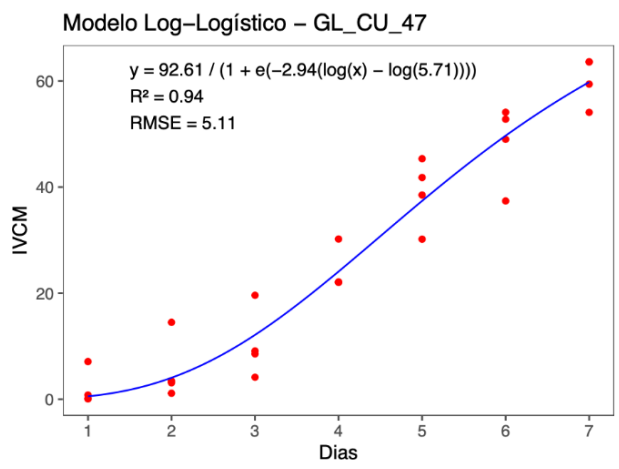
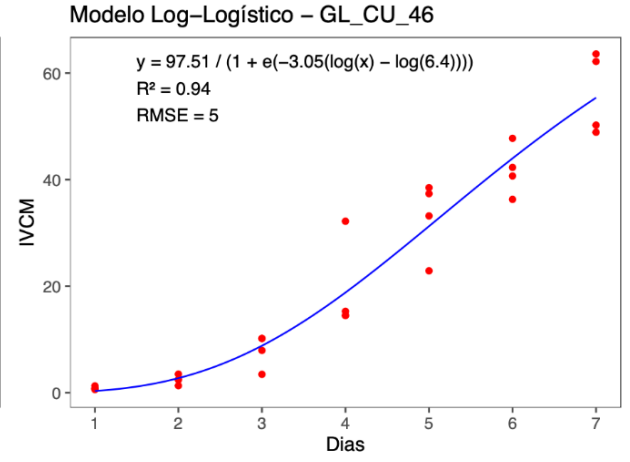
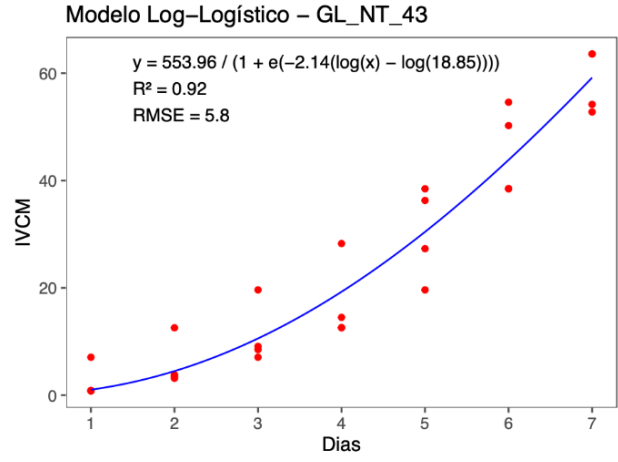
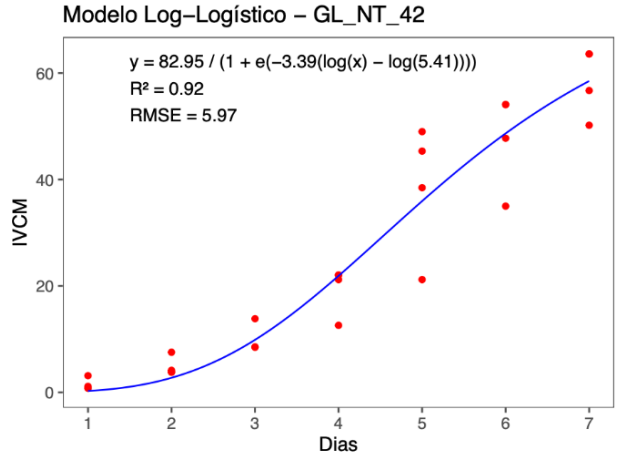
Modelo Log-Logístico – GL_NT_44



Modelo Log-Logístico – GL_NT_45







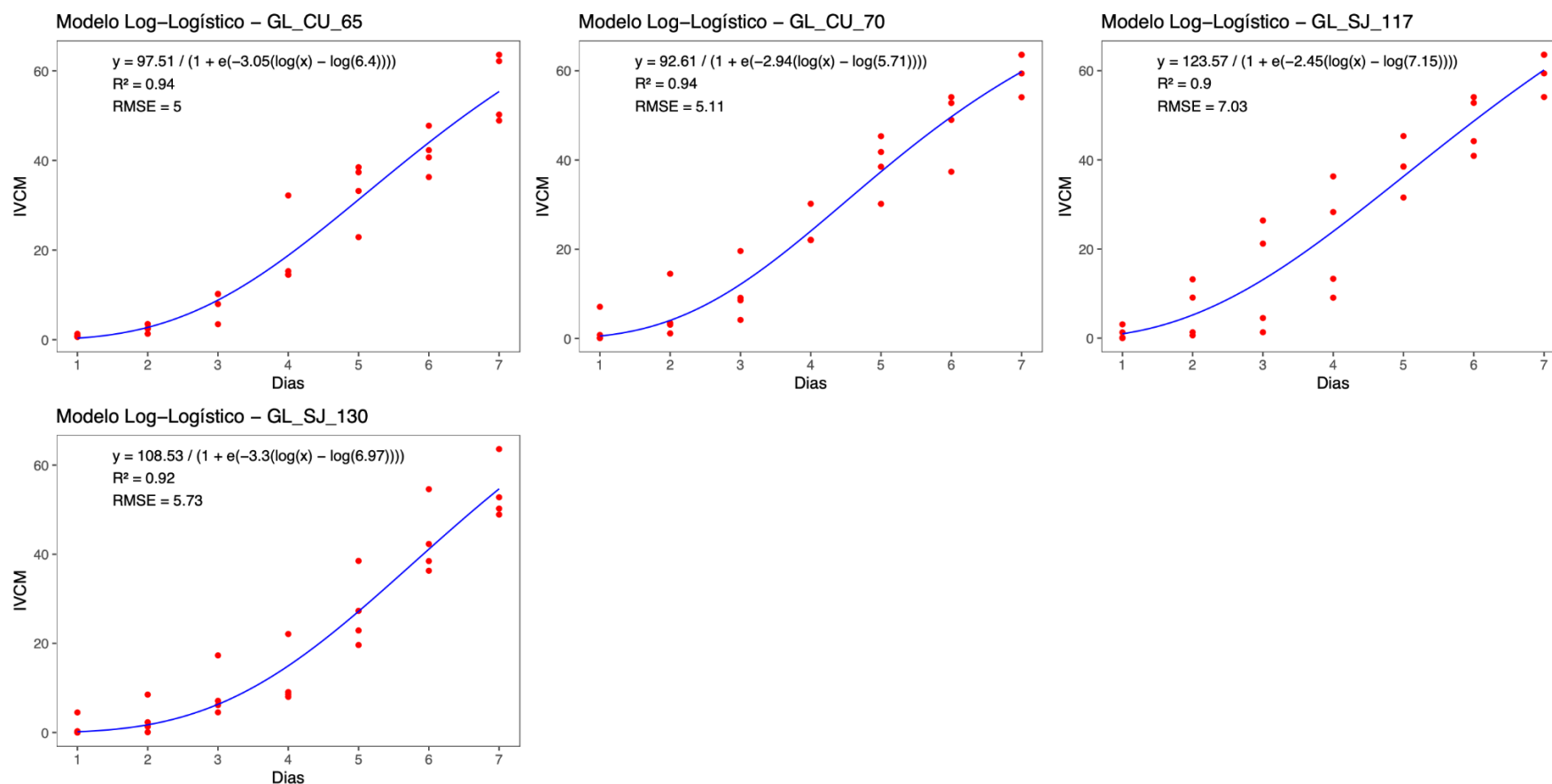


Figura 5. Análise de regressão polinomial de segundo grau para o Índice de velocidade de crescimento micelial de colônias em meio de cultura de isolados monospóricos de *Colletotrichum* spp. coletados em bagas com a podridão da uva madura (n=28).

O modelo logarítmico é comumente usado para descrever o crescimento de organismos como fungos porque inclui uma fase de crescimento exponencial inicial seguida por uma fase de desaceleração quando o crescimento começa a se estabilizar. Isso ocorre em culturas de laboratório quando o fungo atinge o limite do meio de cultura ou consome os nutrientes disponíveis.

A equação ajustada segue a forma padrão de uma função logarítmica: $y = d / (1 + e^{-b(\log(x) - \log(e))})$. Onde: y representa o crescimento (em milímetros); x é o número de dias de observação; d é a assíntota superior (valor máximo do crescimento esperado); b é a taxa de crescimento e representa o ponto de inflexão, que corresponde ao momento no qual a taxa de crescimento é máxima; e $e^{-b(\log(x) - \log(e))}$ descreve a curvatura do modelo.

O ajuste dos dados para um polinômio de segundo grau captura a não-linearidade do crescimento micelial, o que reflete o fato de que o crescimento dos fungos não é constante ao longo do tempo. Geralmente, observa-se um crescimento exponencial inicial, seguido por um decréscimo na taxa de crescimento à medida que os nutrientes disponíveis no meio de cultura se esgotam ou a densidade de colônia aumenta. O ajuste de um modelo logarítmico é útil para prever o comportamento de crescimento micelial além do período observado (7 dias) e também para identificar o ponto em que o crescimento começará a desacelerar devido a restrições ambientais ou competição por recursos. Em um contexto prático, a curva logarítmica pode ser usada para prever o momento ideal para intervenções, como a aplicação de fungicidas, em condições de campo, antes que o patógeno atinja um nível de crescimento excessivo.

Para cada isolado, o valor de R^2 (coeficiente de determinação) é indicado ao lado da equação. Valores próximos de 1 indicam que a regressão polinomial ajusta bem os dados de crescimento micelial, explicando a maior parte da variabilidade observada nos dados. O coeficiente de determinação (R^2), que avalia o ajuste do modelo aos dados observados, variou entre 0,82 e 0,98. Os melhores ajustes foram registrados nos isolados GLUR01 e GLUR62 ($R^2=0.98$), indicando que a modelagem log-logística descreveu com alta precisão os padrões de crescimento desses isolados. Em contraste, GLUR02 e GLUR08 ($R^2=0,8$) apresentou um ajuste inferior, sugerindo maior variabilidade nos dados experimentais.

O Erro Médio Quadrático da Raiz (RMSE), que avalia a precisão da modelagem, variou entre 3,46 e 8,81, com os menores valores observados nos isolados GLUR01 (RMSE=3,46) e GLUR62 (RMSE=3,48), reforçando que esses modelos apresentaram menor dispersão dos

dados e previsões mais confiáveis. Por outro lado, GLUR02 (RMSE=8,81) teve a maior variabilidade, indicando menor precisão da estimativa de crescimento.

Os valores de P apresentados na figura indicam que a regressão é significativa para todos os isolados ($P < 0,001$), o que demonstra que a relação entre dias e crescimento é estatisticamente robusta.

O coeficiente de 3,514 afeta a taxa de crescimento do modelo logarítmico, controlando a inclinação da curva. Um valor mais alto indicaria um crescimento mais rápido inicialmente. O valor de 5,55 (presente no termo logarítmico) representa o ponto em que o crescimento atinge aproximadamente a metade de seu valor máximo, um indicador do tempo em que a taxa de crescimento começa a desacelerar. O valor assintótico de aproximadamente 78,42 mm indica o máximo teórico de crescimento que o fungo pode atingir nas condições do experimento.

Ao observar os valores dos coeficientes das equações, percebe-se que os isolados GLPP30, GLNT45 e GLNT43 apresentam valores mais elevados para o parâmetro y , indicando um maior potencial de crescimento em comparação aos demais. Esses isolados também possuem um R^2 elevado (acima de 0,90), sugerindo que o modelo log-logístico descreve bem seus padrões de crescimento. Além disso, os valores de 0,92 logarítmico nesses isolados indicam que o ponto de inflexão do crescimento ocorre mais tardiamente, sugerindo um crescimento contínuo e sustentado ao longo do período avaliado.

Por outro lado, os isolados GLUR02, GLUR08, GLUR01 e GLUR62 apresentam menores valores de y , sugerindo um crescimento reduzido. Apesar disso, esses isolados apresentam R^2 superiores a 0,90, indicando que a modelagem estatística ainda se ajusta bem aos dados experimentais. O valor de Erro Médio Quadrático da Raiz (RMSE) para os isolados GLUR02 e GLUR01 é relativamente baixo, sugerindo menor variabilidade dos dados em torno da curva ajustada.

Os isolados GLPP21 e GLCB92 demonstram um comportamento intermediário, com valores moderados para a taxa de crescimento. No entanto, a presença de um RMSE intermediário nesses isolados, também indica maior dispersão nos dados, o que pode estar relacionado a variações individuais ou a fatores ambientais influenciando o crescimento. Esses isolados atingem seu ponto de inflexão mais rapidamente em comparação aos demais, indicando que o crescimento ocorre de maneira mais acelerada nos primeiros dias de cultivo.

Os isolados GLCB91 e GLVI09 apresentam um comportamento similar, com curvas de crescimento que sugerem um desenvolvimento gradual e sustentado. Seus valores de RMSE são moderados, indicando uma boa precisão da modelagem, mas com alguma dispersão dos dados. Já os isolados GLAD75 e GLAD76 possuem valores relativamente próximos para y ,

mas com pequenas diferenças nos coeficientes da equação log-logística, o que pode sugerir uma leve variação nas taxas de crescimento.

A análise da regressão polinomial de segundo grau permite capturar a curva de crescimento para cada isolado, mostrando diferenças na taxa de crescimento ao longo do tempo. Isolados como GLPP22 e GLPP32 mostram curvas mais acentuadas, indicando um crescimento mais rápido em relação a outros isolados, como GLVI09, que apresentou uma curva mais suave e, portanto, um crescimento mais lento.

Isolados como GLPP22 e GLPP32 têm um crescimento mais rápido e atingem maiores comprimentos ao final de 7 dias, o que sugere que esses isolados podem ser mais agressivos em um ambiente de campo. Já isolados como GLVI09 têm um crescimento mais lento, o que pode indicar uma menor agressividade ou uma adaptação diferente ao meio de cultivo.

A regressão polinomial de segundo grau fornece uma ferramenta útil para prever o comportamento do crescimento micelial ao longo do tempo, facilitando a comparação entre isolados em estudos de patogenicidade. Além disso, pode servir como base para testes de eficácia de fungicidas ou outras estratégias de controle, identificando quais isolados podem exigir medidas de controle mais agressivas devido à sua rápida taxa de crescimento.

Tabela 3. Análise de regressão polinomial de segundo grau para o Índice de velocidade de crescimento micelial (IVCM) com valores de Assíntota Superior (d), Taxa de Crescimento (b), Ponto de Inflexão (e), Coeficiente de Variação (R^2), Erro Médio Quadrático da Raiz (RMSE) e a Equação de segundo grau de colônias de isolados monospóricos de *Colletotrichum* spp. coletados em bagas com a podridão da uva madura.

Isolado	Assíntota Superior (d)	Taxa de Crescimento (b)	Ponto de Inflexão (e)	R	RMSE	Equação
GLUR01	62,06	-6,28	4,5	0,98	3,46	$y = 62,06 / (1 + e^{(-6,28 (\log(x) - \log(4,5)))})$
GLUR02	55,63	-5,28	4,68	0,82	8,81	$y = 55,63 / (1 + e^{(-5,28 (\log(x) - \log(4,68)))})$
GLVI09	499,94	-2,21	20,05	0,87	5,73	$y = 499,94 / (1 + e^{(-2,21 (\log(x) - \log(20,05)))})$
GLVI10	91,49	-3,05	5,95	0,95	4,71	$y = 91,49 / (1 + e^{(-3,05 (\log(x) - \log(5,95)))})$
GLPP21	240,48	-2,15	13,26	0,91	5,11	$y = 240,48 / (1 + e^{(-2,15 (\log(x) - \log(13,26)))})$
GLPP22	64,78	-3,98	3,96	0,95	4,81	$y = 64,78 / (1 + e^{(-3,98 (\log(x) - \log(3,96)))})$

GLNT42	82,95	-3,39	5,41	0,92	5,97	$y = 82,95 / (1 + e^{(-3,39 (\log(x) - \log(5,41)))})$
GLNT43	553,96	-2,14	18,85	0,92	5,80	$y = 553,96 / (1 + e^{(-2,14 (\log(x) - \log(18,85)))})$
GLCU46	97,51	-3,05	6,4	0,94	5,00	$y = 97,51 / (1 + e^{(-3,05 (\log(x) - \log(6,4)))})$
GLCU47	92,61	-2,94	5,71	0,94	5,11	$y = 92,61 / (1 + e^{(-2,94 (\log(x) - \log(5,71)))})$
GLAD75	75,30	-2,92	5,44	0,87	7,06	$y = 75,3 / (1 + e^{(-2,92 (\log(x) - \log(5,44)))})$
GLAD76	69,67	-3,29	5,24	0,86	7,24	$y = 69,67 / (1 + e^{(-3,29 (\log(x) - \log(5,24)))})$
GLCB91	137,57	-2,83	7,72	0,93	5,83	$y = 137,57 / (1 + e^{(-2,83 (\log(x) - \log(7,72)))})$
GLCB92	142,04	-2,56	8,28	0,92	5,81	$y = 142,04 / (1 + e^{(-2,56 (\log(x) - \log(8,28)))})$
GLSJ96	123,57	-2,45	7,15	0,9	7,03	$y = 123,57 / (1 + e^{(-2,45 (\log(x) - \log(7,15)))})$
GLSJ97	108,53	-3,3	6,97	0,92	5,73	$y = 108,53 / (1 + e^{(-3,3 (\log(x) - \log(6,97)))})$
GLUR62	62,06	-6,55	4,5	0,98	3,48	$y = 62,06 / (1 + e^{(-6,55 (\log(x) - \log(4,5)))})$
GLUR08	56,80	-5,18	4,65	0,82	8,99	$y = 56,8 / (1 + e^{(-5,18 (\log(x) - \log(4,65)))})$
GLVI19	458,64	-2,23	18,9	0,88	5,69	$y = 458,64 / (1 + e^{(-2,23 (\log(x) - \log(18,9)))})$
GLVI35	93,49	-3,14	5,88	0,94	5,13	$y = 93,49 / (1 + e^{(-3,14 (\log(x) - \log(5,88)))})$
GLPP30	1074,22	-2,28	26,54	0,9	5,40	$y = 1074,22 / (1 + e^{(-2,28 (\log(x) - \log(26,54)))})$
GLPP32	64,55	-4	3,95	0,95	4,88	$y = 64,55 / (1 + e^{(-4 (\log(x) - \log(3,95)))})$
GLNT44	83,07	-3,39	5,42	0,93	5,87	$y = 83,07 / (1 + e^{(-3,39 (\log(x) - \log(5,42)))})$
GLNT45	590,54	-2,13	19,58	0,92	5,91	$y = 590,54 / (1 + e^{(-2,13 (\log(x) - \log(19,58)))})$
GLCU65	97,51	-3,05	6,4	0,94	5,00	$y = 97,51 / (1 + e^{(-3,05 (\log(x) - \log(6,4)))})$
GLCU70	92,61	-2,94	5,71	0,94	5,11	$y = 92,61 / (1 + e^{(-2,94 (\log(x) - \log(5,71)))})$

GLSJ117	123,57	-2,45	7,15	0,9	7,03	$y = 123,57 / (1 + e^{(-2,45 (\log(x) - \log(7,15)))})$
GLSJ130	108,53	-3,3	6,97	0,92	5,73	$y = 108,53 / (1 + e^{(-3,3 (\log(x) - \log(6,97)))})$

Os isolados que apresentaram os maiores valores para o parâmetro y , indicativo de maior taxa de crescimento potencial, foram GLPP30 ($y=1074,22$), GLNT45 ($y=590,54$), GLNT43 ($y=553,96$), GLVI09 ($y=499,94$) e GLVI19 ($y=458,98$) (Tabela 3 e Figura 5). Esses isolados demonstraram um crescimento mais expressivo ao longo do período avaliado, podendo ser considerados promissores para aplicações que demandam altos índices de proliferação celular.

Quanto à precisão da modelagem, os isolados com menor RMSE, sugerindo maior acurácia do modelo na predição dos dados experimentais, foram GLUR01 (RMSE = 3,46), GLUR62 (RMSE=3,48), GLPP32 (RMSE=4,88), GLPP21 (RMSE=4,81) e GLVI10 (RMSE=4,71). Esses valores indicam menor dispersão dos dados em torno da curva ajustada, reforçando a confiabilidade da modelagem aplicada.

Dessa forma, os isolados GLUR62 e GLUR01 destacaram-se como aqueles com maior ajuste (R^2) e precisão (menor RMSE), enquanto GLPP30, GLNT45 e GLNT43 se sobressaíram por apresentarem as maiores taxas de crescimento (y).

Os resultados ainda indicaram variações significativas entre os valores dos parâmetros do modelo log-log dos isolados avaliados, destacando diferenças na taxa de crescimento, no ajuste do modelo e na precisão da modelagem (Tabela 3). A assíntota superior (d), que representa o crescimento máximo estimado para cada isolado, variou amplamente, com o menor valor observado para GLUR02 ($d=55,63$), enquanto o maior crescimento foi registrado no isolado GLPP30 ($d=1074,22$), indicando um potencial de crescimento consideravelmente superior.

A taxa de crescimento (b), que mede a rapidez com que o crescimento ocorre, foi mais elevada nos isolados GLUR62 ($b=-6,55$) e GLUR01 ($b=-6,28$), sugerindo que esses isolados apresentam um crescimento acelerado em relação aos demais. Por outro lado, isolados como GLNT45 ($b=-2,13$) demonstraram um crescimento mais gradual, o que pode ser vantajoso em algumas aplicações biotecnológicas que requerem crescimento sustentado ao longo do tempo.

O ponto de inflexão (e), que indica o momento em que a taxa de crescimento é máxima, também apresentou grande variação entre os isolados. O maior valor foi observado para GLPP30 (e=26,54), o que indica um crescimento mais tardio e prolongado. Em contrapartida, GLPP32 (e=3,95) apresentou o menor ponto de inflexão, sugerindo que seu crescimento atinge o máximo rapidamente, tornando-o um isolado mais dinâmico em termos de desenvolvimento.

6.3.4 Análise molecular da Diversidade Genética dos isolados

A região ITS é composta por várias sub-regiões, denominadas de ITS1 e ITS2, que dão origem ao DNA ribossômico. Esta região aparece repetida no genoma do fungo e assim, é possível identificar as variações, que são os polimorfismos, pois evoluem rapidamente, divergindo em tamanho e sequência do DNA. A região ITS é a região mais utilizada para identificação de fungos em complexos de espécies de *Colletotrichum* spp., e construção da árvore filogenética (Nova, 2004; Cavalcanti, 2005; Menezes et al., 2010).

Como a região ITS é a mais estudada, possui maior número de sequências depositadas para comparação, facilitando a identificação de novos isolados. Porém, atualmente outros genes estão sendo usados em conjunto com o ITS para identificação genética de espécies de fungos (Kamei et al., 2014), como as regiões Beta-tubulina, Calmodulina, Glutamina sintetase, Actina e Gliceraldeído 3-fosfato desidrogenase, correspondendo respectivamente aos genes TUB2, CAL, GS, ACT e GAPDH (Firmino et al., 2014; Silva, 2016). Outro gene utilizado em conjunto com o ITS é o gene da subunidade grande do DNA ribossômico, denominado de LSU (Rao; Nandineni, 2017).

A amplificação e o sequenciamento das regiões acima referenciadas possibilitaram a verificação de diferenciação genética entre os isolados. O conhecimento das sequências das diferentes regiões gênicas também permitiu classificar a espécie de cada isolado nos complexos de espécies.

Conforme a análise molecular, pode-se observar que existe variação na diversidade de espécies de *Colletotrichum* no presente estudo. Alguns isolados apresentaram maior similaridade entre si, definindo assim, o complexo pertencente.

A árvore filogenética, obtida após a realização do alinhamento das sequências depositadas no *GenBank* no programa IQ-Tree2, foi inferida usando o método de Máxima Verossimilhança. Os modelos de substituição de nucleotídeos e os valores de log likelihood para cada árvore gerada foram: K2P+R2 e log likelihood = -5011,129 para ITS; TN+F+G4 e log likelihood = -6725,599 para GAPDH; TNe+R2 e log likelihood = -9499,075 para CAL e

K2P+R2 e log likelihood = -4665,751 para CHS quando construída árvore multilocos (Figura 7). Já para a construção da árvore do primer ITS o modelo selecionado foi K2P+R3 e log likelihood = -3587.174 (Figura 6). Já a árvore sem o ITS, os melhores foram HKY+F+G4 e log likelihood = -4362,016 para GAPDH; TNe+G4 e log likelihood = -5428,623 para CAL e K2P+R3 e log likelihood = -3393.149 para CHS (Figura 8). Os valores de Bootstrap estão sendo mostrados abaixo de cada ramo em porcentagem e os valores de comprimento dos ramos (Branch length) então acima em notação decimal.

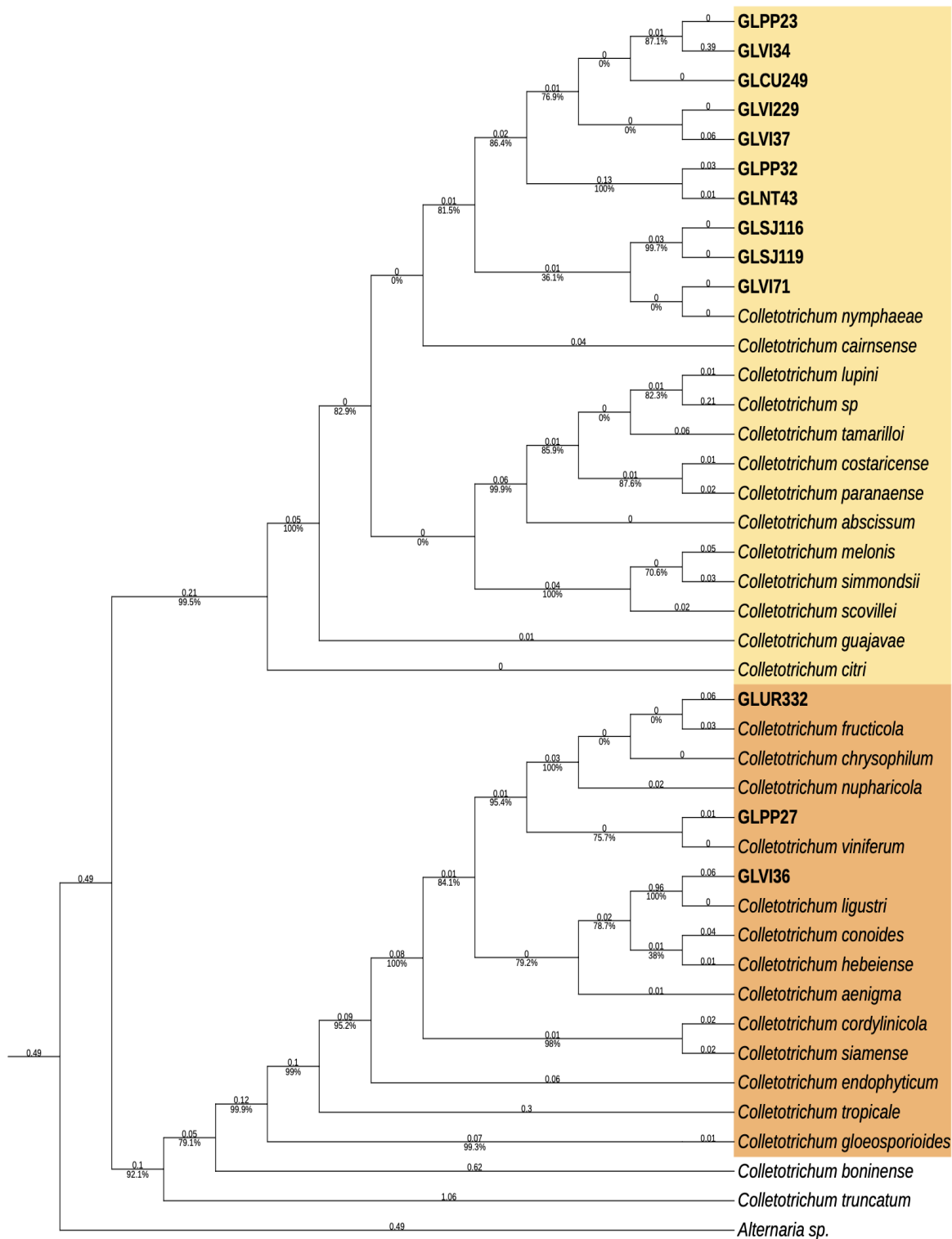


Figura 6. Dendrograma filogenético de 39 isolados de *Colletotrichum* spp. obtidos de bagas de uva com sintomas de podridão da uva madura. A árvore foi construída com base em sequências concatenadas dos genes GAPDH, CAL e CHS, utilizando o método da máxima verossimilhança (Maximum Likelihood). Os isolados do presente estudo estão identificados por códigos (ex.: GLSJ119, GLSJ116, GLVI71) e foram agrupados com espécies de referência pertencentes a diferentes complexos de *Colletotrichum*, evidenciando a diversidade genética e a distribuição dos isolados em múltiplos grupos filogenéticos. A análise foi conduzida no software IQ-Tree, com suporte de ramificações estimado por bootstrap (10000 replicações). Amarelo complexo *acutatum*; Laranja complexo *gloeosporioides*; *Colletotrichum boninense* pertence ao complexo *boninense*; *Colletotrichum truncatum* pertence ao complexo *truncatum*; outgroup *Alternaria* sp.

A análise filogenética dos isolados obtidos de bagas com sintomas de podridão da uva madura revelou a presença de diferentes espécies do gênero *Colletotrichum*, distribuídas em distintos complexos filogenéticos. A árvore foi construída com base na concatenação das sequências das regiões gênicas GAPDH, CAL e CHS, por meio do método de máxima verossimilhança (Maximum Likelihood), e permitiu observar agrupamentos bem definidos com suporte estatístico satisfatório (valores de bootstrap acima de 70%).

Os isolados agruparam-se com diversas espécies previamente descritas na literatura (autores), incluindo *Colletotrichum nymphaeae*, *C. viniferum*, *C. fructicola*, *C. siamense*, *C. gloeosporioides* e *C. acutatum*, entre outras. A presença de múltiplos agrupamentos reforça a hipótese de uma etiologia polifilética para a podridão da uva madura, com predominância dos complexos *C. acutatum* e *C. gloeosporioides*. Esses resultados indicam uma elevada diversidade genética entre os isolados analisados.

Entre os agrupamentos principais, observou-se que os isolados GLSJ119, GLSJ116, GLVI71, GLNT43, GLPP32, GLCU249, GLVI34, GLPP23, GLVI37 e GLVI229 foram consistentemente agrupados com *C. nymphaeae*, dentro do complexo *C. acutatum*, apresentando altos valores de suporte. Por sua vez, os isolados GLUR332 e GLPP27 agruparam-se com *C. viniferum*, enquanto GLVI36 agrupou-se como *C. ligustri*. ambas as espécies pertencentes ao complexo *C. gloeosporioides*, também com valores de bootstrap elevados, indicando associação robusta com essa espécie.

Além desses dois agrupamentos majoritários, a presença de espécies menos frequentes, como *C. nupharicola*, foi observada, embora posicionadas em ramos periféricos da árvore. Tais achados refletem a complexidade da comunidade fúngica envolvida na etiologia da doença e corroboram estudos anteriores que relatam a ocorrência simultânea de múltiplas espécies de

Colletotrichum em uvas sintomáticas, em diferentes regiões produtoras do mundo (Batista et al., 2023; Silva et al., 2021; Liu et al., 2015).

A diversidade genética detectada pode estar associada a fatores como condições ambientais regionais, variação na suscetibilidade das cultivares e diferenças no manejo fitossanitário, os quais influenciam a seleção e a dominância das espécies patogênicas ao longo das safras. Nesse contexto, destaca-se a importância da identificação molecular precisa para embasar estratégias de manejo mais direcionadas, como a seleção de cultivares resistentes, o uso racional de fungicidas e o desenvolvimento de protocolos de monitoramento baseados na espécie predominante em cada região.

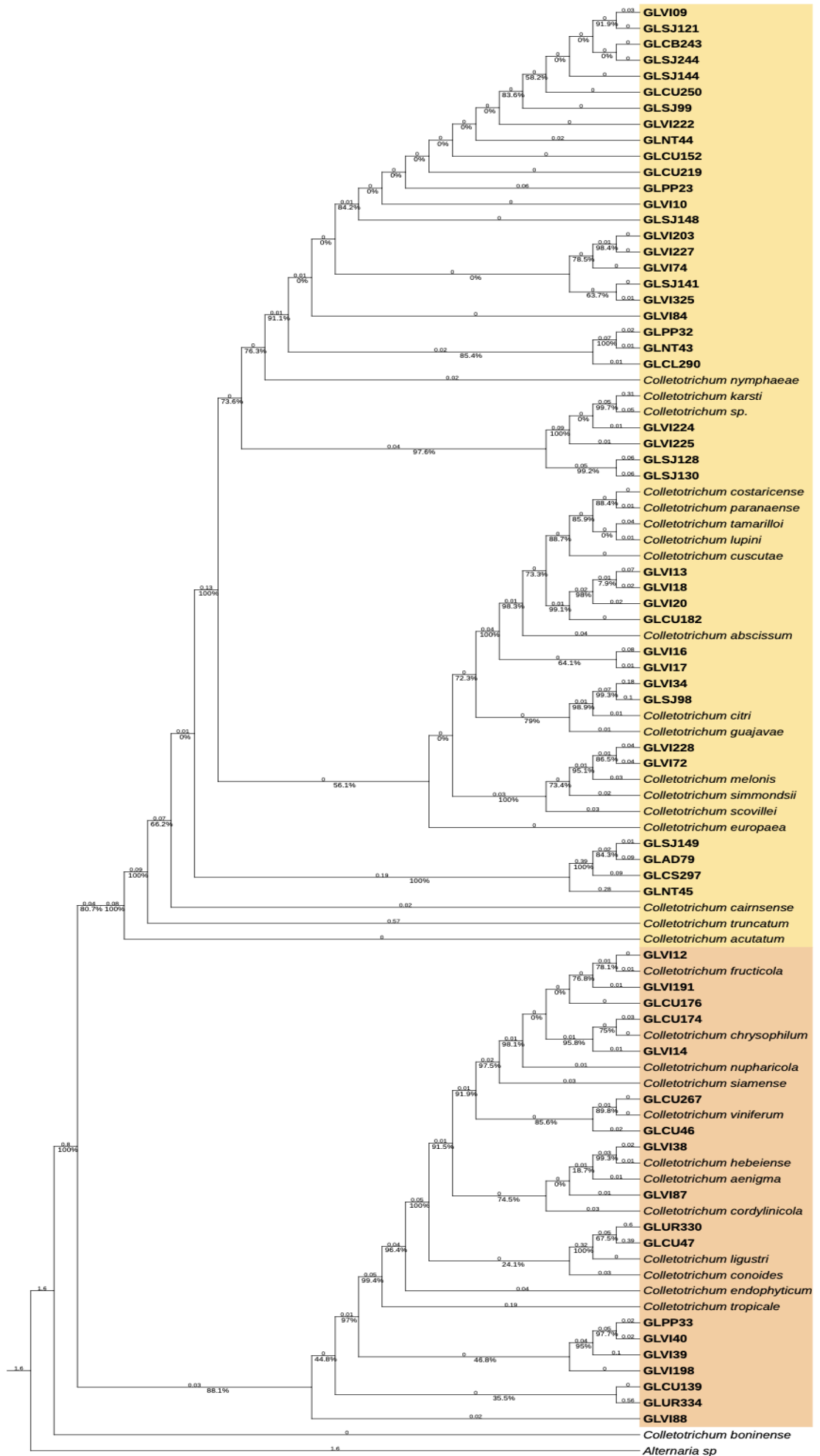


Figura 7. Dendrograma filogenético representando o relacionamento entre 67 isolados de *Colletotrichum* sppo. obtidos de bagas de uva com sintomas da podridão da uva madura. A árvore foi construída com base em sequências concatenadas das regiões gênicas ITS, GAPDH, CAL e CHS, utilizando o método de máxima verossimilhança (Maximum Likelihood) no software IQ-Tree2, com 10000 repetições de bootstrap para estimativa do suporte estatístico dos agrupamentos. Os isolados analisados estão identificados por códigos (ex.: GLSJ119, GLSJ116, GLVI71) e foram agrupados com espécies de referência de *Colletotrichum* disponíveis no GenBank, representando diferentes complexos filogenéticos. Os valores numéricos sobre os ramos indicam o percentual de replicações em que os táxons associados se agruparam, refletindo o suporte estatístico para cada clado. A presença de múltiplas espécies e complexos evidencia a diversidade genética dos isolados envolvidos na etiologia da doença. Amarelo complexo *acutatum*; Laranja complexo *gloeosporioides*; *Colletotrichum boninense* pertence ao complexo *boninense*; *Colletotrichum truncatum* pertence ao complexo *truncatum*; outgroup *Alternaria* sp.

A análise filogenética baseada nas sequências concatenadas das regiões ITS, GAPDH, CAL e CHS revelou a formação de clados bem definidos, com valores de bootstrap variando entre 58% e 100%, indicando suporte estatístico moderado a alto para a maioria dos agrupamentos. A árvore foi construída pelo método de máxima verossimilhança (Maximum Likelihood), com 10000 réplicas de bootstrap, permitindo uma delimitação robusta entre os principais complexos filogenéticos identificados.

Dois agrupamentos principais foram observados, correspondentes aos complexos *Colletotrichum acutatum* e *Colletotrichum gloeosporioides*, os quais concentraram todos os 67 isolados obtidos de bagas de uva com sintomas de podridão e identificados com as sequências amplificadas das regiões ITS, GAPDH, CAL e CHS. No clado associado ao complexo *C. acutatum*, os isolados GLSJ119, GLSJ116, GLVI71, GLNT43, GLPP32, GLCU219, GLVI34, GLPP23, GLCS297, GLVI228 e GLCB243 agruparam-se consistentemente com *Colletotrichum nymphaeae*, com valores de bootstrap entre 85% e 99%, indicando alta confiabilidade na identificação dessa espécie. Esses resultados corroboram relatos anteriores da ocorrência de *C. nymphaeae* como agente causal da podridão da uva madura no Brasil (BATISTA et al., 2023; SILVA et al., 2021) e em outras regiões de clima subtropical.

Já os isolados GLCU267 e GLCU43 agruparam-se com *Colletotrichum viniferum*, dentro do complexo *C. gloeosporioides*, apresentando suporte de bootstrap de até 96%. Essa associação reforça a identificação desses isolados com a espécie, previamente descrita como patógena em vinhedos da China (LIU et al., 2015; YAN et al., 2018), sendo este um dos primeiros registros moleculares de sua presença em uvas cultivadas no Brasil.

Além desses dois agrupamentos principais, a árvore filogenética apresentou ramos adicionais contendo espécies de referência como *C. fruticola*, *C. siamense*, *C. guajavae*, *C. abscissum* e *C. tamarilloi*, entre outras. Essas espécies, com valores de bootstrap superiores a 70%, agruparam-se de forma distante em relação aos isolados do presente estudo, atuando como grupos externos de referência e contribuindo para a validação da acurácia dos clados principais.

As distâncias genéticas observadas entre os clados refletem forte divergência entre os complexos *C. acutatum* e *C. gloeosporioides*, o que está em concordância com a literatura (WEIR; JOHNSTON; DAMM, 2012; DAMM et al., 2012). A abordagem multilocus aplicada neste estudo mostrou-se eficaz para discriminar espécies morfológicamente similares, mas geneticamente distintas, reforçando a necessidade do uso combinado de múltiplos marcadores para a identificação precisa de espécies do gênero *Colletotrichum* (CAI et al., 2009; CANNON et al., 2012).

A comparação entre as duas árvores filogenéticas construídas — uma utilizando as regiões codificadoras GAPDH, CAL e CHS (39 isolados), e outra incluindo também a região ITS (67 isolados) — demonstrou alta congruência na estrutura geral e nos agrupamentos principais. Em ambas as análises, os isolados associados a *C. nymphaeae* (grupo C119 a C36) e *C. viniferum* (C332, C310 e C27) mantiveram seus respectivos posicionamentos com elevados valores de suporte, superiores a 85% e 90%, respectivamente. Esse padrão reforça a robustez da identificação molecular mesmo na ausência da região ITS, indicando que os marcadores codificadores utilizados já fornecem resolução filogenética satisfatória para a delimitação das espécies.

Outras espécies de referência, como *C. truncatum*, *C. abscissum*, *C. guajavae* e *C. costaricense*, permaneceram filogeneticamente distantes dos isolados analisados, confirmando que os patógenos associados à podridão da uva madura, ocorridas nas safras e localidades avaliadas neste estudo, pertencem aos dois complexos principais. A topologia das duas árvores com 39 e 67 isolados, respectivamente, evidenciou a formação de dois grandes agrupamentos — *C. acutatum* e *C. gloeosporioides* — que englobam todos os isolados patogênicos identificados, sustentando o caráter polifilético da etiologia da doença. Contudo, como este estudo não foi exaustivo em todo o estado de Santa Catarina, não é possível afirmar que outras espécies de *Colletotrichum* associados a podridão da uva madura, não possam ocorrer.

Adicionalmente, quatro isolados (GLCL294, GLCS296, GLVI85 e GLUR01) apresentaram dados parciais de sequenciamento e, por não possuírem todas as regiões exigidas para a concatenação multilocos, não foram incluídos nas árvores filogenéticas. No entanto, com base nos locos disponíveis (ITS, GAPDH, CAL ou CHS), observou-se que três desses isolados mostraram alta similaridade com *C. nymphaeae*, enquanto GLCS296 apresentou uma identificação mista: similaridade com *C. viniferum* em ITS, mas perfil mais próximo de *C. nymphaeae* nos demais marcadores. Todos esses isolados foram, portanto, classificados como pertencentes ao complexo *C. acutatum*. Contudo, a ausência de dados completos para genes-chave, como GAPDH ou CAL, impossibilitou sua inclusão na análise multilocos final, a fim de manter o rigor e a comparabilidade da inferência filogenética.

Tabela 4. Isolados de *Colletotrichum* com dados parciais de sequenciamento molecular não incluídos na análise filogenética multilocos.

ISOLADO	ESPÉCIE	COMPLEXO	CONSENSO (%)
GLCL294	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum	100% (3/3)
GLCL296	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum	67% (2/3)
GLVI85	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum	100% (3/3)
GLUR01	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum	67% (2/3)
GLVI119	<i>C. lupini</i>	acutatum	43% (3/7)
GLVI36	<i>C. aenigma</i>	gloeosporioides	40% (2/5)
GLCU47	<i>C. viniferum</i>	acutatum	57% (4/7)
GLSJ144	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum	0% (0/0)
GLCU174	<i>C. chrysophilum</i>	gloeosporioides	17% (1/6)
GLUR334	<i>C. chrysophilum</i>	gloeosporioides	0% (0/2)

Baseada no Anexo B. Primers: ITS, CHS, CAL, GAPDH, ACT, TUB, LSU, GS.

A inclusão de espécies-tipo da literatura no alinhamento possibilitou não apenas validar a identificação dos isolados, mas também detectar possíveis casos de agrupamentos ambíguos

ou relações evolutivas inesperadas. A análise de ML, ao considerar tanto distâncias evolutivas quanto estatísticas de suporte, representa um avanço considerável sobre métodos baseados unicamente em similaridade percentual. Assim, a integração entre abordagens conceituais (cladograma) e estatísticas (ML com bootstrap) revelou-se fundamental para validar a identidade molecular dos isolados, estruturar agrupamentos taxonômicos robustos e identificar pontos críticos para reavaliação. Essa metodologia fortalece a precisão em estudos de diversidade genética e identificação de patógenos do gênero *Colletotrichum*, com implicações diretas para o diagnóstico e manejo de doenças em plantas hospedeiras.

A presença de diferentes espécies de *Colletotrichum* em uvas afetadas pela podridão da uva madura indica que há uma diversidade significativa de patógenos envolvidos. Isso pode tornar mais complexo o manejo da doença, pois diferentes espécies podem ter diferentes níveis de resistência a fungicidas ou diferentes exigências ambientais para a infecção. (Incluir a literatura com autores que já identificaram distintas espécies para a podridão da uva madura)(

Por sua vez, o conhecimento das relações filogenéticas entre os patógenos permite uma melhor compreensão dos mecanismos de infecção e pode ajudar a desenvolver estratégias de manejo específicas para cada complexo de patógenos. Por exemplo, variedades de videira mais suscetíveis a isolados do Complexo *acutatum* podem precisar de estratégias de manejo diferentes daquelas mais suscetíveis ao Complexo *gloeosporioides*.

O ITS é uma região genômica importante para a identificação de espécies em nível de complexo *Colletotrichum*, pois a morfologia por si só, não é recomendada para diferenciação de espécies no gênero *Colletotrichum*, devido a variação das características morfológicas similares das diversas espécies (Figura 6). Membros do complexo da espécie *C. boninense* (Damm et al., 2012a) e *C. cliviae* (Yang, et al., 2009) são morfológicamente semelhantes às espécies do complexo *C. gloeosporioides*, mas são geneticamente distintos (Cannon et al., 2012). Xie et al. (2010) identificaram isolados de *Colletotrichum* spp. provenientes de morango e enfatizaram a inconsistência da identificação baseada somente em critérios morfológicos, devido as características morfológicas serem altamente variáveis. Caracteres morfológicos podem variar com fatores ambientais e condições de incubação (Cai et al., 2009). Justificando a importância da avaliação a nível molecular dos isolados. Du et al. (2005) e Crouch et al. (2009) relataram que as espécies de *Colletotrichum*, com base em estudos moleculares e morfológicos, são complexos de espécies morfológicamente indistinguíveis, sendo fundamental a identificação molecular. Than et al. (2008) afirmaram que a caracterização no gênero *Colletotrichum* tem que ser associado com a filogenia, análise morfocultural e fisiológico.

Contudo, mesmo com a utilização de quatro regiões gênicas (ITS, GAPDH, CAL e CHS), não foi possível determinar com segurança a identidade de alguns isolados representados nas Figuras 6 e 7. Esses isolados apresentaram agrupamentos inconsistentes ou divergências filogenéticas em relação às espécies de referência disponíveis no GenBank, resultando em baixa resolução taxonômica. Tal limitação evidencia a complexidade do gênero *Colletotrichum* e sugere que, para esses casos específicos, seria necessário o uso de marcadores adicionais ou abordagens genômicas mais robustas (como multilocus sequence analysis ampliada ou sequenciamento de genoma completo) para uma identificação mais precisa.

Nguyen *et al.* (2010) ao combinar caracterização morfológica e molecular conseguiram identificar três espécies diferentes, *C. gloeosporioides*, *C. acutatum*, *C. boninense*, associadas à antracnose a doença de *Coffea* spp.. Phoulivong *et al.* (2010) ao fazerem análise filogenética de 25 isolados de *Colletotrichum*, constataram evidências de que uma planta pode muitas vezes hospedar mais de uma espécie de *Colletotrichum*. O mesmo foi observado por Watanabe *et al.* (2016) que os isolados *C. siamense* e *C. truncatum*, são patogênicos para *Mandevilla* spp. Rojas *et al.* (2010) estudando diferentes isolados endofíticos e patogênicos de *C. gloeosporioides*, concluíram que apenas os caracteres moleculares foram consistentes em delinear de forma única e diferenciadora quando comparado com a identificação morfológica.

Por último, os resultados têm implicações nos programas de melhoramento genético. Os resultados do presente estudo comprovaram que em vinhedos de Santa Catarina também existem distintas espécies que causam a podridão da uva madura, já evidenciado em estudos anteriores feitos em outras regiões. O fato de existir distintas espécies e variabilidade intra-específica, envolvidas na podridão da uva madura, exigirá de melhoristas estratégias em termos avaliação da resposta de potenciais genitores aos distintos isolados, bem como a construção de diversas populações segregantes. Estamos assim diante da necessidade de dispor de base genética ampla, o que exigirá esforço inter-institucional e longo tempo para aumentar o nível de resistência genética de variedades de videira à podridão da uva madura. O avanço no conhecimento científico contribui decisivamente para enfrentar mesmo questões complexas, como esta doença objeto da presente tese.

6.4 CONCLUSÕES

A análise das características morfológicas das colônias crescidas em meio de cultura indicou variação fenotípica entre os isolados de *Colletotrichum* spp. obtidos de bagas com sintomas da podridão da uva madura. A modelagem do crescimento micelial por regressão

polinomial de segundo grau permitiu uma avaliação detalhada do comportamento fisiológico de 32 isolados. A classificação desses isolados em grupos de crescimento elevado, intermediário e reduzido fornece subsídios importantes para estudos de agressividade, virulência e potencial biotecnológico. Isolados como GLUR01 e GLUR62 apresentaram excelente desempenho na modelagem ($R^2 = 0,98$), destacando-se pela taxa de crescimento e estabilidade do ajuste. Por outro lado, o isolado GLPP30, embora tenha alcançado uma assíntota superior, apresentou crescimento mais tardio, o que pode ser relevante para aplicações que demandem maior persistência ou menor agressividade inicial.

A análise filogenética dos isolados de *Colletotrichum* spp., baseada no método de Máxima Verossimilhança (ML) com sequências concatenadas de múltiplos marcadores (ITS, GAPDH, CAL e CHS), permitiu a identificação precisa dos agrupamentos em complexos filogenéticos bem estabelecidos na literatura. A topologia da árvore gerada demonstrou forte concordância com o cladograma conceitual, corroborando a alocação dos isolados nos complexos *acutatum* e *gloeosporioides*.

O uso de dados multilocos, aliado aos valores de bootstrap, conferiu robustez estatística à delimitação das espécies, ao mesmo tempo em que revelou casos de posicionamento ambíguo, os quais demandam investigação complementar. A comparação entre as abordagens conceitual e estatística evidenciou que, embora o cladograma facilite a visualização das relações gerais, a árvore de ML oferece maior poder resolutivo, especialmente no que se refere à confiabilidade dos agrupamentos e às distâncias evolutivas entre os táxons.

A integração entre dados moleculares e morfológicos evidencia a ampla diversidade genética e fenotípica entre os isolados de *Colletotrichum* spp., reforçando a importância de abordagens multidisciplinares para o diagnóstico, a identificação e o manejo da podridão da uva madura. A variabilidade observada tanto na identidade molecular quanto no comportamento de crescimento indica que estratégias de controle devem ser regionalmente adaptadas, considerando a composição populacional presente em cada cultivo e a variabilidade intra e interespecífica da população fúngica.

REFERÊNCIAS

AGRIOS, G. N. Plant Pathology. 5. ed. San Diego: Academic Press, 2005.

ALBUQUERQUE, F.C. Antracnose do guaraná. Rio de Janeiro: Ministério da Agricultura/Serviço de Informação Agrícola, p. 22, 1961.

ALMEIDA, L. B. de. Diversidade e identificação molecular de isolados de *Colletotrichum* associados ao gênero *Capsicum* no Amazonas. 2015.

APHALO, P. ggpmisc: Miscellaneous Extensions to 'ggplot2'. R. Package version 0.5.1. 2022. <<https://CRAN.R-project.org/package=ggpmisc>>.

ARAÚJO, A. C. de et al. Produtos alternativos no controle de *Colletotrichum* spp. isolados de manga e banana. **Científic@-Multidisciplinary Journal**, v. 5, n. 3, p. 104-112, 2018.

BARNETT, H.L.; B.B. HUNTER. **Illustrated Genera of Imperfect Fungi**. 3a. ed. Burgess Pub. Co., Minneapolis. 1972.

BATISTA, D. D. et al. First report of *Colletotrichum siamense* causing grape ripe rot in Brazil. **Plant Disease**, v. 107, p. 2881, 2023. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-22-1290-PDN>

BERNSTEIN, B. et al. Characteristics of *Colletotrichum* from peach, apple, pecan, and other hosts. **Plant Disease**, v. 79, n. 5, p. 478-482, 1995.

BOURSIQUOT, J.-M. et al. Parentage of Merlot and related winegrape cultivars of southwestern France: discovery of the missing link. **Australian Journal of Grape and Wine Research**, v. 15, n. 2, p. 144-155, 2009.

BROWN, A. E. et al. Molecular characterization of slow-growing orange and key lime anthracnose strains of *Colletotrichum* from citrus as *C. acutatum*. **Phytopathology**, v. 86, n. 5, p. 523-527, 1996.

BURNHAM, K. P., ANDERSON, D. R. Model selection and multimodel inference: A practical information-theoretic approach (2nd ed.). 2002.

CAI, L. et al. A polyphasic approach for studying *Colletotrichum*. **Fungal Diversity**, v. 39, n. 1, p. 183-204, 2009.

CANO, J. et al. Molecular and morphological identification of *Colletotrichum* species of clinical interest. **Journal of clinical microbiology**, v. 42, n. 6, p. 2450-2454, 2004.

CANNON, P. F. et al. *Colletotrichum*: current status and future directions. **Studies in mycology**, v. 73, n. 1, p. 181-213, 2012.

CARBONE, I.; ANDERSON, J. B.; KOHN, L. M. Patterns of descent in clonal lineages and their multilocus fingerprints are resolved with combined gene genealogies. **Evolution**, v. 53, n. 1, p. 11-21, 1999.

CARBONE, I.; KOHN, L. M. A method for designing primer sets for speciation studies in filamentous ascomycetes. **Mycologia**, v. 91, n. 3, p. 553-556, 1999.

CAVALCANTI, F. C. N. **Variabilidade de Isolados de *Colletotrichum gloeosporioides*, quanto a patogenicidade a frutos de mangueira (*Mangifera indica* L.), Marcadores RAPD e região ITS do rDNA.** Dissertação. Universidade Federal de Pernambuco. Recife/PE, 2005.

CROUCH, J.A. et al. Systematic analysis of the falcate-spored graminicolous *Colletotrichum* and a description of six new species of the fungus from warm season grasses. **Mycologia**, v. 101, p.717-732, 2009.

COX, M. L.; IRWIN, J. A. G. Conidium and appressorium variation in Australian isolates of the *Colletotrichum gloeosporioides* group and closely related species. **Australian Systematic Botany**, v. 1, n. 2, p. 139-149, 1988.

DAMM, U. et al. The *Colletotrichum orbiculare* species complex: important pathogens of field and weeds. **Fungal Divers**, v. 61, p. 29–59, 2013.

DAMM, U. et al. The *Colletotrichum acutatum* species complex. **Studies in Mycology**, v.73, p. 37–113, 2012b.

DAMM, U.; CANNON, P.F.; WOUTENBERG, J.H.C.; et al. The *Colletotrichum boninense* species complex. **Stud Mycol**, v. 73, p. 1–36, 2012a.

DEAN, R. et al. The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. **Molecular plant pathology**, v. 13, n. 4, p. 414-430, 2012.

DHINGRA, O. D. **Basic plant pathology methods**. 1994.

DOYLE, J. J.; DOYLE, Jane L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemical bulletin**, 1987.

DU, M.Z.; SCHARDL, C.L.; VAILLANCOURT, L.J. Using mating-type gene sequences for improved phylogenetic resolution of *Colletotrichum* species complexes. **Mycologia**, v. 97, p. 641-658, 2005.

ECHEVERRIGARAY, S.; et al. *Colletotrichum* species causing grape ripe rot disease in *Vitis labrusca* and *V. vinifera* varieties in the highlands of southern Brazil. **Plant Pathology**, v. 69, n. 8, p. 1504-1512, 2020.

FIRMINO, A. C; JUNIOR, H. J. T; TAMELINI, B. R; NOSAKI, D. N; FURTADO, E. L. Identificação de espécies de *Colletotrichum* associados à antracnose em plantas de atemóia e colonização do fungo nos frutos. **Summa Phytopathologica**, v.40, n.4, p.323-328, 2014.

FREEMAN, S.; KATAN, T.; SHABI, E. Characterization of *Colletotrichum* species responsible for anthracnose diseases of various fruits. **Plant disease**, v. 82, n. 6, p. 596-605, 1988.

GARDES, M.; BRUNS, T. D. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes-application to the identification of mycorrhizae and rusts. **Molecular ecology**, v. 2, n. 2, p. 113-118, 1993.

GOES, A. de; KIMATI, H. Pathogenic characterization of isolates of *Colletotrichum acutatum* and *C. gloeosporioides* from citrus plants. 1997.

GUERBER, J. C. et al. Characterization of diversity in *Colletotrichum acutatum* sensu lato by sequence analysis of two gene introns, mtDNA and intron RFLPs, and mating compatibility. **Mycologia**, v. 95, n. 5, p. 872-895, 2003.

GUNNELL, P. S.; GUBLER, W. D. Taxonomy and morphology of *Colletotrichum* species pathogenic to strawberry. **Mycologia**, v. 84, n. 2, p. 157-165, 1992.

HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, J. The elements of statistical learning: Data mining, inference, and prediction. 2009.

HYDE, K. D. et al. *Colletotrichum*: a catalogue of confusion. **Fungal Diversity**, v. 39, n. 1, p. 1-17, 2009.

KAMEI, S. H; COSTA, J. F de O; NETTO, M. dos S. B; ASSUNÇÃO, I. P; LIMA, G. S de A. Identificação e caracterização de espécies de *Colletotrichum* associadas à antracnose de anonáceas no estado de Alagoas. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 2014.

KOCH, R. Die Aetiologie der Milzbrand-Krankheit, begründet auf die Entwicklungsgeschichte des *Bacillus anthracis*. Beiträge zur Biologie der Pflanzen, v. 2, p. 277-310, 1876. (Tradução para o inglês em: Brock, T. D. Milestones in Microbiology. ASM Press, 1961).

LIU, F. et al. *Colletotrichum* species associated with anthracnose of grape in China. **Fungal Biology**, v. 119, n. 1, p. 31-43, 2015.

MAGUIRE, J. D. **Speed of germination-aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor**. 1962.

MENEZES, J.P et al. C. G. Variabilidade genética na região ITS do rDNA de isolados de *Trichoderma* spp. (Biocontrolador) e *Fusarium oxysporum* f. sp. *Chrysanthemi*. **Ciência e Agrotecnologia**. 2010.

MORIWAKI, J.; SATO, T.; TSUKIBOSHI, T. Morphological and molecular characterization of *Colletotrichum boninense* sp. nov. from Japan. **Mycoscience**, v. 44, p. 0047-0053, 2003.

NGUYEN, P. T. H. et al. Identification of *Colletotrichum* species associated with anthracnose disease of coffee in Vietnam. **European Journal of Plant Pathology**, v. 127, p. 73-87, 2010.

NOVA, M. X. V. **Patogenicidade à cebola (*Allium cepa* L.) e análise da diversidade genética de isolados de *Colletotrichum gloeosporioides* do Estado de Pernambuco, Brasil, por RAPD e região ITS do rDNA**. Dissertação. Universidade Federal de Pernambuco. Recife/PE, 2004.

O'DONNELL, K. et al. Phylogenetic relationships among ascomycetous truffles and the true and false morels inferred from 18S and 28S ribosomal DNA sequence analysis. **Mycologia**, v. 89, n. 1, p. 48-65, 1997.

OIV - International Organisation of Vine and Wine. 2017 World viticulture situation: OIV statistical report on world vitiviniculture.

OLIVEIRA, M.A. Índice de velocidade de crescimento micelial e método de avaliação da eficiência de controle de fungos fitopatogênicos. **Summa Phytopathologica**, v. 17, n. 3, p.21-24, 1991.

PHOULIVONG, S. et al. A new species of *Colletotrichum* from *Cordyline fruticosa* and *Eugenia javanica* causing anthracnose disease. **Mycotaxon**, v. 114, p. 247–257, 2010.

PHOULIVONG, S.; MCKENZIE, E. H. C.; HYDE, K. D. Cross infection of *Colletotrichum* species; a case study with tropical fruits. **Current Research in Environmental & Applied Mycology**, v. 2, n. 2, p. 99-111, 2012.

R. Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2022. <https://www.R-project.org/>.

RAIMONDI, S. et al. DNA-based genealogy reconstruction of Nebbiolo, Barbera and other ancient grapevine cultivars from northwestern Italy. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 15782, 2020.

RAO, S; NANDINENI, M. R. Sequenciamento do genoma e genômica comparativa revelam um repertório de genes de patogenicidade putativos no fungo da antracnose da pimenta *Colletotrichum truncatum*. **Plos One**. 2017.

RAYNER, Ronald William. **A mycological colour chart**. 1970.

ROJAS, E. I. et al. *Colletotrichum gloeosporioides* s.l. associated with *Theobroma cacao* and other plants in Panamá: multilocus phylogenies distinguish host-associated pathogens from asymptomatic endophytes. **Mycologia**, v. 102, n. 6, p. 1318–1338, 2010.

SIMMONDS, J. H. A study of the species of *Colletotrichum* causing ripe fruit rots in Queensland. **Queensland Journal of Agricultural and Animal Sciences**, v. 22, n. 4, p. 437-459, 1965.

SHIMIZU, G.; MARUBAYASHI, R.; GONÇALVES, L. AgroR: Experimental Statistics and graphics for Agricultural Sciences. R package version. 2022. <http://CRAN.R-project.org/package=AgroR>.

SHIVAPRAKASH, M. R. et al. *Colletotrichum truncatum*: an unusual pathogen causing mycotic keratitis and endophthalmitis. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 49, n. 8, p. 2894-2898, 2011.

SCHOLTHOF, K. B. G. The disease triangle: pathogens, the environment and society. **Nature Reviews Microbiology**, v. 5, n. 2, p. 152–156, 2007.

SILVA, L. L. **Ferramentas moleculares para a caracterização de *Colletotrichum* spp. associados à antracnose da mandioca**. Dissertação. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas/BA. 2016.

SILVA, M. S. da et al. Caracterização morfológica e molecular de isolados de *Colletotrichum* associados à podridão da uva madura no Brasil. **Tropical Plant Pathology**, v. 46, p. 1–11, 2021.

SUTTON, B. C. Coelomycetes. **V. Coryneum**. 1980.

SUTTON, B. C. The genus *Glomerella* and its anamorph *Colletotrichum*. In: Bailey J. A., Jeger M. J. (eds) *Colletotrichum: Biology, pathology and control*. **CAB International**, Wallingford, p. 1–26, 1992.

TALHINHAS, P. et al. Molecular and phenotypic analyses reveal association of diverse *Colletotrichum acutatum* groups and a low level of *C. gloeosporioides* with olive anthracnose. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 71, n. 6, p. 2987-2998, 2005.

TEMPLETON, M. D. et al. Cloning and molecular characterization of the glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase-encoding gene and cDNA from the plant pathogenic fungus *Glomerella cingulata*. **Gene**, v. 122, n. 1, p. 225-230, 1992.

THAN, P.P.; JEEWON, R.; HYDE, K.D.; PONGSUPASAMIT, S.; MONGKOLPORN, O.; TAYLOR, P.W.J. Characterization and pathogenicity of *Colletotrichum* species associated with anthracnose on chilli (*Capsicum* spp.) in Thailand. **Plant Pathology**, v. 57, p. 562-572, 2008.

TOZZE JÚNIOR, H. J.; MELLO, M.; MASSOLA JÚNIOR, N. S. Caracterização morfológica e fisiológica de isolados de *Colletotrichum* sp. causadores de antracnose em solanáceas. **Summa Phytopathologica**, v. 32, p. 71-79, 2006.

TOZZE JUNIOR, H. J. **Caracterização e identificação de espécies de *Colletotrichum* associadas à antracnose do pimentão (*Capsicum annuum*) no Brasil**. 2007. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.

VALERO, M. et al. Benomyl sensitivity assays and species-specific PCR reactions highlight association of two *Colletotrichum gloeosporioides* types and *C. acutatum* with rumple disease on Primofiori lemons. **European journal of plant pathology**, v. 127, p. 399-405, 2010.

VELHO, A.C.; ALANIZ, S.; CASANOVA, L.; MONDINO, P.; STADNIK, M. J. New insight into the characterization of *Colletotrichum* species associated with apple diseases in southern Brazil and Uruguay. **Fungal Biology**, p. 1-16, 2015.

VIEIRA, W. A. dos S. et al. Optimal markers for the identification of *Colletotrichum* species. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 143, p. 106694, 2020.

VINNERE, O. **Approaches to species delineation in anamorphic (mitosporic) fungi: a study on two extreme cases**. 2004. Tese de Doutorado. Acta Universitatis Upsaliensis.

VON ARX, JA. Die Arten der Gattung *Colletotrichum*. **Phytopathol. z.**, v. 29, p. 413-468, 1957.

WATANABE, K. et al. Anthracnose of genus *Mandevilla* caused by *Colletotrichum truncatum* and *C. siamense* in Japan. **Journal of general plant pathology**, v. 82, p. 33-37, 2016.

WEIR, B. S. et al. The *Colletotrichum gloeosporioides* species complex. **Studies in mycology**, v. 73, p. 115-180, 2012.

WEIR, B. S.; JOHNSTON, P. R.; DAMM, U. The *Colletotrichum gloeosporioides* species complex. **Studies in Mycology**, v. 73, p. 115–180, 2012.

WHITE, T. J. et al. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. **PCR protocols: a guide to methods and applications**, v. 18, n. 1, p. 315-322, 1990.

YANG, Y.L. et al. *Colletotrichum* anthracnose of *Amaryllidaceae*. **Fungal Diversity**, v. 39, p. 123–146, 2009.

YAN, J. Y. et al. Pathogenicity, genetic diversity, and molecular identification of *Colletotrichum* species associated with grape ripe rot in China. **Plant Disease**, v. 102, n. 8, p. 1570–1578, 2018.

XIE, L.; ZHANG, J.Z.; WAN, Y.; HU, D.W. Identification of *Colletotrichum* spp. isolated from strawberry in Zhejiang Province and Shanghai City, China. **Journal of Zhejiang University Science B (Biomedicine & Biotechnology)**, v.11, p. 61–70, 2010.

ANEXOS

ANEXO A. Isolados de *Colletotrichum* spp., coletados nas safras 2018/2019; 2019/2020; 2020/2021 e 2021/2022, utilizados neste trabalho de acordo com o local, código de identificação, espécie, variedade, cor, manejo e sistema de condução. Helios, Felicia, Bronner, Calardis Blanc, Sauvignier Gris, Fluertai, Sauvignon Kretos, Cabernet Cantor, Soreli, Caberent Cortis, Johanniter, Aromeira, Baron, Gf.2004-043-0004, Gf.2004-043-0021, Gf.2004-043-0013, Gf.2004-043-0010, Gf.2004-043-0015 e Gf.2004-043-0024 – são variedades e seleções PIWI com genes de resistência ao míldio e oídio.

Safra	Local	Código	Espécie	Variedade	Cor	Manejo	Sistema de condução	Observações
2018/ 2019	Curitibanos	GLCU269	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU270	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU271	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU272	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
	Videira	GLVI273	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI274	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI275	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI276	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	São Joaquim	GLSJ277	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin

		GLSJ278	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ279	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ288		EE35		Convencional	Espaladeira	
		GLSJ280	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim
	Curitibanos	GLCU281	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU282	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU283	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU284	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
2019/ 2020	Videira	GLVI285	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI284	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI285	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
2020/ 2021	Urussanga	GLUR01	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR02	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR03	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR04	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR05	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri Urussanga

		GLUR06	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR07	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR08	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR62	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
	Videira	GLVI09	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Fleurtaí	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI10	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Fleurtaí	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI11	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Fleurtaí	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI12	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Fleurtaí	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI13	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI14	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI15	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI16	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI17	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI18	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI19	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI20	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C

		GLVI286	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI34	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Sauvignon Kretos	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira
		GLVI35	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Sauvignon Kretos	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira
		GLVI36	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Sauvignon Kretos	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira
		GLVI37	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Cabernet Cantor	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira
		GLVI38	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Cabernet Cantor	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira
		GLVI39	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Cabernet Cantor	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira
		GLVI40	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Cabernet Cantor	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira
		GLVI41	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Cabernet Cantor	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira
		GLVI71	<i>Vitis vinifera</i>	Petiti Manseng	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
		GLVI72	<i>Vitis vinifera</i>	Petiti Manseng	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
		GLVI73	<i>Vitis vinifera</i>	Petiti Manseng	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
		GLVI74	<i>Vitis vinifera</i>	Petiti Manseng	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
		GLVI84	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Soreli	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI85	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Soreli	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI86	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Soreli	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C

		GLVI87	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Soreli	Branca	Convencional	Espaladeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
		GLVI88	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Soreli	Branca	Convencional	Espaladeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	Pinheiro Preto	GLPP21	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Branca	Branca	Sem aplicação	Latada	Propriedade Valdecir Perazoli
		GLPP22	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Branca	Branca	Sem aplicação	Latada	Propriedade Valdecir Perazoli
		GLPP23	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Branca	Branca	Sem aplicação	Latada	Propriedade Valdecir Perazoli
		GLPP24	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Branca	Branca	Sem aplicação	Latada	Propriedade Valdecir Perazoli
		GLPP25	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Rosada	Rosada	Sem aplicação	Latada	Propriedade Valdecir Perazoli
		GLPP26	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Rosada	Rosada	Sem aplicação	Latada	Propriedade Valdecir Perazoli
		GLPP27	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Rosada	Rosada	Sem aplicação	Latada	Propriedade Valdecir Perazoli
		GLPP28	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Rosada	Rosada	Sem aplicação	Latada	Propriedade Valdecir Perazoli
		GLPP29	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Branca	Branca	Sem aplicação	Latada	Produtor Zucco/Coleta Valdecir Perazolli
		GLPP30	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Branca	Branca	Sem aplicação	Latada	Produtor Zucco/Coleta Valdecir Perazolli
		GLPP31	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Branca	Branca	Sem aplicação	Latada	Produtor Zucco/Coleta Valdecir Perazolli
		GLPP32	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara Branca	Branca	Sem aplicação	Latada	Produtor Zucco/Coleta Valdecir Perazolli
	Nova Trento	GLNT42	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani

		GLNT43	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
		GLNT44	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
		GLNT45	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	Curitibanos	GLCU46	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU47	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU48	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU49	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU50	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU51	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU52	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU53	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU54	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU64	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043- 0015	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU65	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043- 0015	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC

		GLCU67	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU68	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU69	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU70	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU287	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
	Água Doce	GLAD75	<i>Vitis vinifera</i>	Bronner	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD76	<i>Vitis vinifera</i>	Bronner	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD77	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD78	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD79	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD80	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD81	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD82	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD83	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD89	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0024	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLAD90	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0024	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Villagio Grando
		GLCB91	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Abreu e Garcia

	Campo Belo do Sul	GLCB92	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
		GLCB93	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
		GLCB94	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
		GLCB95	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
		GLCB318	<i>Vitis vinifera</i>	Merlot	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
	São Joaquim	GLSJ96	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim
		GLSJ97	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim
		GLSJ98	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim
		GLSJ99	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim
		GLSJ100	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim
		GLSJ101	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim
		GLSJ102	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim
		GLSJ103	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ104	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ105	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ106	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ107	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ108	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin

		GLSJ109	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ110	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ111	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ112	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ113	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ114	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ115	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ116	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ117	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ118	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ119	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ120	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ121	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ122	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ123	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin
		GLSJ124	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Vinícola Suzin

		GLSJ125	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ126	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0013	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ127	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0013	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ128	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0013	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ129	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0013	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ130	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0013	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
		GLSJ131	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0010	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	Curitibanos	GLCU138	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU139	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU140	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU151	<i>Híbrido</i>	Niágara Rosada	Rosada	Orgânico	Latada	Propriedade Bia e Jean
		GLCU152	<i>Vitis labrusca</i>	Niágara	Branca	Orgânico	Latada	Propriedade Bia e Jean
		GLCU156	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Cabernet Cortis	Tinta	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
		GLCU164	<i>Vitis vinifera</i>	Ancellotta	Tinta	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
		GLCU165	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
		GLCU166	<i>Vitis vinifera</i>	Sauvignon Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
		GLCU168	<i>Vitis vinifera</i>	Moscato Bianco	branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova

	GLCU170	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Franc	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU171	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU173	<i>Vitis vinifera</i>	Syrah	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU174	<i>Vitis vinifera</i>	Nero D'avola	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU175	<i>Vitis vinifera</i>	Riesling Renano	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU176	<i>Vitis vinifera</i>	Arinarnoa	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU177	<i>Vitis vinifera</i>	Marselan	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU201	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
	GLCU207	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Aromeira	Branca	Convencional	Espaldeira	Propriedade Everson
	GLCU208	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Aromeira	Branca	Convencional	Espaldeira	Propriedade Everson
	GLCU218	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0024	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
	GLCU219	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Cabernet Cortis	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
	GLCU220	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Cabernet Cortis	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
	GLCU248	<i>Vitis vinifera</i>	Malbec	Tinta	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU249	<i>Vitis labrusca</i>	Poloskei Muskotaly	Branca	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Everson

	GLCU250	<i>Vitis vinifera</i>	Caladoc	Tinta	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU251	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC/área nova
	GLCU267	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0024	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
	GLCU268	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0024	Branca	Convencional	Espaladeira	Fazenda Experimental UFSC
São Joaquim	GLSJ141	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ142	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ143	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ144	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ148	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0021	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ149	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0021	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ150	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0021	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ244	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0021	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ245	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0021	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ246	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0021	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
	GLSJ247	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim

	GLSJ252	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Ypsolon/s em cobertura	Estação Epagri São Joaquim
	GLSJ253	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Ypsolon/s em cobertura	Estação Epagri São Joaquim
	GLSJ312	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Johanitter	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Suzin
Água Doce	GLAD157	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Calardis Blanc	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD230	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD231	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD232	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD233	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0024	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD234	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Johanitter	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD235	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Johanitter	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD236	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Johanitter	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD237	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD238	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD239	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD240	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando

	GLAD254	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri São Joaquim
	GLAD255	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD256	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD257	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Aromeira	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
	GLAD258	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Aromeira	Branca	Convencional	Espaladeira	Vinícola Villagio Grando
Nova Trento	GLNT161	<i>Vitis vinifera</i>	Niagara Rosada	Tinta	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	GLNT162	<i>Vitis vinifera</i>	Niagara Rosada	Tinta	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	GLNT199	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	GLNT200	<i>Vitis vinifera</i>	Chardonnay	Branca	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	GLNT209	<i>Vitis vinifera</i>	Marselan	Tinta	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	GLNT210	<i>Vitis vinifera</i>	Marselan	Tinta	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	GLNT211	<i>Vitis vinifera</i>	Marselan	Tinta	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani

	GLNT212	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	GLNT213	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	GLNT214	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
	GLNT311	<i>Vitis vinifera</i>	Marselan	Tinta	Convencional	Ypsilon/ com cobertura	Propriedade Ricardo Cipriani
Urussanga	GLUR185	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
	GLUR186	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
	GLUR187	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
	GLUR188	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
Videira	GLVI189	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Fluertai	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	GLVI190	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Fluertai	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	GLVI191	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	GLVI192	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Helios	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	GLVI193	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	GLVI198	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Cabernet Cantor	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C

	GLVI202	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Aromeira	Branca	Convencional	Espaldeira	Fazenda Experimental UFSC
	GLVI203	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Aromeira	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	GLVI204	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Aromeira	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	GLVI205	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Baron	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	GLVI206	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Baron	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34C
	GLVI215	<i>Vitis vinifera</i>	Petit Manseng	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI216	<i>Vitis vinifera</i>	Petit Manseng	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI217	<i>Vitis vinifera</i>	Petit Manseng	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI221	<i>Vitis vinifera</i>	Petit Manseng	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI222	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Johanitter	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI223	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Johanitter	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI224	<i>Vitis vinifera</i>	Petit Manseng	Tinta	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI225	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI226	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI227	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI228	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Gf.2004-043-0004	Branca	Convencional	Espaldeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B

	GLVI229	<i>Vitis vinifera</i>	Felicia	Branca	Convencional	Espaladeira	Área Experimental Epagri Videira/Talhão 34B
	GLVI325	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Espaladeira	Produtor Lourenço Arioti-Santa Barbara- área 3
	GLVI310	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Espaladeira	Produtor Pedro Carlos Luiz Menon, Rio das Pedra, área 14
Pinheiro Preto	GLPP194	<i>Vitis labrusca</i>	Niagara	Branca	Convencional	Latada	-
	GLPP195	<i>Vitis labrusca</i>	Niagara	Branca	Convencional	Latada	-
	GLPP196	<i>Vitis labrusca</i>	Niagara	Branca	Convencional	Latada	-
	GLPP197	<i>Vitis labrusca</i>	Niagara	Branca	Convencional	Latada	-
	GLPP308	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Aldo Zangalli/Linha Tigre/área 2
	GLPP307	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Dirceu Francisco Sabadin/ Linha Rio das Antas Lageadinho/área 5
	GLPP314	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Aldo Zangalli/Linha Tigre/área 10
	GLPP322	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Arnaldo Landon-Linha Santo Isidoro- área 7
	GLPP313	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Aldo Zangalli/Linha Tigre/área 16
Campo Belo do Sul	GLCB241	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
	GLCB242	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
	GLCB243	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
	GLCB259	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
	GLCB260	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
	GLCB261	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia
	GLCB262	<i>Vitis vinifera</i>	Pinot Noir	Tinta	Convencional	Espaladeira	Vinícola Abreu e Garcia

Campo Largo/ PR	GLCL289	<i>Vitis labrusca</i>	Bordo	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL290	<i>Vitis labrusca</i>	Bordo	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL291	<i>Vitis labrusca</i>	Bordo	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL292	<i>Vitis labrusca</i>	Bordo	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL293	<i>Vitis labrusca</i>	Bordo	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL294	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL295	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL302	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL315	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL316	<i>Vitis labrusca</i>	Bordo	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
	GLCL301	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaldeira	Vinícola Legado
Caxias do Sul/RS	GLCS296	<i>Vitis vinifera</i>	Vermentino	Branca	Convencional	Espaldeira	Coleta Sabrina Sautchuk
	GLCS297	<i>Vitis vinifera</i>	Vermentino	Branca	Convencional	Espaldeira	Coleta Sabrina Sautchuk
Pinto Bandeira/RS	GLCS298	<i>Vitis vinifera</i>	Moscato	Branca	Convencional	Espaldeira	Coleta Sabrina Sautchuk
	GLCS299	<i>Vitis vinifera</i>	Moscato	Branca	Convencional	Espaldeira	Coleta Sabrina Sautchuk
Farroupilha/RS	GLFR300	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaldeira	Casa Perini

		GLFR303	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaladeira	Casa Perini
		GLFR304	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaladeira	Casa Perini
		GLFR305	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaladeira	Casa Perini
		GLFR306	<i>Vitis vinifera</i>	Cabernet Sauvignon	Tinta	Convencional	Espaladeira	Casa Perini
	Caçador	GLCC309	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Vilmar Dalagnon/ Linha São Pedro/área 15
		GLCC323	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Serri Scolaro- Linha Cará- área 13
		GLCC317	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor André Basigio, linha cará, área 8
	Salto Veloso	GLSV319	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Alfredo Abati- CeNTro-área 9
	Tangará	GLTG320	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Jean Zanela- Linha Santa Rosa- área 11
		GLTG321	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Divino Ramjam- Linha Leão
		GLTG324	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Odinei Stanguerlin- Linha Santa Rosa- área 6
		GLTG326	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Diva Rampson- linha leãozinho- área 7
	Rio das Antas	GLRA327	<i>Vitis labrusca</i>	Isabel	Tinta	Convencional	Latada	Produtor Reinaldo Scolaro- Linha São Pedro- área 10
2022/23	Urussanga	GLUR329	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Southern Gris	Rosada	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR330	<i>Vitis vinifera</i> /PIWI	Southern Gris	Rosada	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR331	<i>Vitis</i>	Southern Gris	Rosada	Convencional	Espaladeira	Estação Epagri Urussanga

			<i>vinifera</i> /PIWI					
		GLUR332	<i>Vitis</i> <i>vinifera</i> /PIWI	Souvignier Gris	Rosada	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR333	<i>Vitis</i> <i>vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR334	<i>Vitis</i> <i>vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR335	<i>Vitis</i> <i>vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR336	<i>Vitis</i> <i>vinifera</i> /PIWI	Felicia	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga
		GLUR337	<i>Vitis</i> <i>vinifera</i> /PIWI	Bronner	Branca	Convencional	Espaldeira	Estação Epagri Urussanga

ANEXO B. Identificação molecular de isolados de *Colletotrichum* spp. com base na análise multilocus (ITS, CAL, CHS, GAPDH, ACT, TUB, LSU e GS)

ISOLADO	ITS	CAL	CHS	GAPDH	ACT	TUB	LSU	GS	ESPÉCIE	CONSENSO (%)
GLCL294	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>						<i>C. nymphaeae</i>	100% (3/3)
GLCL296	<i>C. viniferum</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>						<i>C. nymphaeae</i>	67% (2/3)
GLVI85	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>						<i>C. nymphaeae</i>	100% (3/3)
GLUR01	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>						<i>C. nymphaeae</i>	67% (2/3)
GLVI119	<i>C. melonis</i>	<i>C. lupini</i>		<i>C. gloeosporioides</i>	<i>C. melonis</i>	<i>C. lupini</i>	<i>C. acutatum</i>	<i>C. lupini</i>	<i>C. lupini</i>	43% (3/7)
GLVI36	<i>C. viniferum</i>	<i>C. aenigma</i>			<i>C. aenigma</i>	<i>C. viniferum</i>	<i>C. viniferum</i>		<i>C. aenigma</i>	40% (2/5)
GLCU47	<i>C. viniferum</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. siamense</i>	<i>C. siamense</i>	<i>C. viniferum</i>	<i>C. viniferum</i>	<i>C. viniferum</i>		<i>C. viniferum</i>	57% (4/7)
GLSJI44									<i>C. nymphaeae</i>	0% (0/0)
GLCU174	<i>C. fruticola</i>		<i>C. fruticola</i>	<i>C. fruticola</i>	<i>C. fruticola</i>	<i>C. fruticola</i>		<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. chrysophilum</i>	17% (1/6)
GLUR334	<i>C. aenigma</i>	<i>C. viniferum</i>							<i>C. chrysophilum</i>	0% (0/2)

Esta tabela foi incluída nesta versão da tese devido à ausência dos códigos de acesso do GenBank até a data da submissão.

Os respectivos acessos estarão disponíveis no artigo científico em fase de publicação.

ANEXO C. Identificação molecular dos isolados de *Colletotrichum* spp. obtidos de bagas com sintomas de podridão da uva madura, com base nas sequências das regiões ITS, GAPDH, CAL e CHS. A identificação da espécie foi atribuída com base na maior similaridade com acessos de

referência do GenBank. Isolados com dados ausentes ou inconclusivos estão sinalizados com hífen (-) . A classificação em complexos filogenéticos (*C. acutatum*, *C. gloeosporioides*, etc.) foi realizada com base na concordância dos loci e nos agrupamentos obtidos nas análises filogenéticas apresentadas nas Figuras 6 e 7.

Isolados	ITS	GAPDH	CAL	CHS	Espécie	Complexo
GLUR01	-	-	-	<i>C. nymphaeae</i>	-	acutatum
GLVI09	<i>C. simmondsii</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI10	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI11	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLSJ116	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLSJ119	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI12	<i>C. fructicola</i>	<i>C. siamense</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. sp</i>	-	gloeosporioides
GLSJ121	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLSJ128	<i>C. acutatum</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI13	<i>C. acutatum</i>	<i>C. melonis</i>	<i>C. tamarilloi</i>	<i>C. sp</i>	-	acutatum
GLSJ130	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLCU139	<i>C. viniferum</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. viniferum</i>	<i>C. sp</i>	-	-

GLVII4	<i>C. fruticola</i>	<i>C. fruticola</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. sp</i>	-	gloesporioides
GLCU140	<i>C. nymphaeae</i>	-	-	-	-	acutatum
GLSJ141	<i>C. scovillei</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLSJ144	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLSJ148	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLSJ149	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI38	<i>C. fruticola</i>	<i>C. siamense</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. siamense</i>	-	gloesporioides
GLCU152	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVII6	<i>C. sp.</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. tamarilloi</i>	<i>C. sp</i>	-	acutatum
GLCU165	<i>C. fruticola</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. chrysophilum</i>	-	-	gloesporioides
GLVII7	<i>C. scovillei</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. tamarilloi</i>	<i>C. sp</i>	-	acutatum
GLCU174	<i>C. fruticula</i>	<i>C. siamense</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. simmondsii</i>	-	gloesporioides
GLCU176	<i>C. aeschynomen es</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. sp</i>	-	gloesporioides
GLVII8	<i>C. sp</i>	<i>C. melonis</i>	<i>C. tamarilloi</i>	<i>C. sp</i>	-	acutatum

GLCU182	<i>C. scovillei</i>	<i>C. sp</i>	<i>C. tamarilloi</i>	<i>C. sp</i>	-	acutatum
GLUR187	-	<i>C. nymphaeae</i>	-	-	-	acutatum
GLVII191	<i>C. asianum</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. fruticola</i>	-	gloesporioides
GLPP197	-	<i>C. nymphaeae</i>	-	-	-	acutatum
GLVII198	<i>C. aenigma</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	gloesporioides
GLVI20	<i>C. scovillei</i>	<i>C. sp</i>	<i>C. tamarilloi</i>	<i>C. sp</i>	-	acutatum
GLVI203	<i>C. citri</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLNT209	-	-	-	-	-	-
GLNT210	-	<i>C. viniferum</i>	-	-	-	gloesporioides
GLCU219	<i>C. scovillei</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLPP22	<i>C. viniferum</i>	<i>C. viniferum</i>	<i>C. viniferum</i>	-	-	gloesporioides
GLVI222	<i>C. scovillei</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI224	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. siamense</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI225	<i>C. sp</i>	<i>C. hebeiense</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	-	-
GLVI227	<i>C. citri</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum

GLVI228	<i>C. sp</i>	<i>C. sp</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	-	acutatum
GLVI229	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLPP23	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI235	-	-	-	-	-	
GLCB243	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLSJ244	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLCU249	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLCU250	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLAD254	-	-	-	-	-	
GLCU267	<i>C. viniferum</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. viniferum</i>	<i>C. sp</i>	-	gloesporioides
GLPP27	-	<i>C. aenigma</i>	<i>C. viniferum</i>	<i>C. sp</i>	-	-
GLCL290	<i>C. acutatum</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. sp</i>	-	acutatum
GLCL294	<i>C. nymphaeae</i>	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLCS296	<i>C. viniferum</i>	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLCS297	<i>C. scovillei</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLCS299	-	-	-	-	-	

GLPP32	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLCC323	-	-	-	-	-	
GLVI325	<i>C. citri</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLPP33	<i>C. siamense</i>		<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	-	gloesporioides
GLUR330	<i>C. fructicola</i>	<i>C. alienum</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. sp</i>	-	gloesporioides
GLUR332	-	<i>C. alienum</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. sp</i>	-	gloesporioides
GLUR334	<i>C. viniferum</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. sp</i>	-	-
GLVI34	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. melonis</i>	-	acutatum
GLVI36	-	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	-	gloesporioides
GLVI37	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI38	<i>C. aenigma</i>	<i>C. siamense</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. endophyticum</i>	-	gloesporioides
GLVI39	<i>C. siamense</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	gloesporioides
GLVI40	<i>C. siamense</i>	<i>C. sp</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	-	gloesporioides
GLNT43	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLNT44	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. simmondsii</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum

GLNT45	<i>C. citri</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. sp</i>	-	acutatum
GLCU46	<i>C. sp</i>	<i>C. conoides</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. sp</i>	-	gloesporioides
GLCU47	<i>C. viniferum</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. viniferum</i>	<i>C. siamense</i>	-	gloesporioides
GLVI71	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI72	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. sp</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI73	<i>C. acutatum</i>	<i>C. nymphaeae</i>	-	<i>C. nymphaeae</i>	-	acutatum
GLVI74	<i>C. guajavae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLAD78	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	-	-	acutatum
GLAD79	<i>C. scovillei</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI84	<i>C. citri</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	acutatum
GLVI85	<i>C. nymphaeae</i>	-	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	-	acutatum
GLVI86	<i>C. gloeosporioides</i>	<i>C. conoides</i>	<i>C. aenigma</i>	-	-	gloesporioides
GLVI87	<i>C. aenigma</i>	<i>C. fructicola</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. aenigma</i>	gloesporioides
GLVI88	<i>C. fructicola</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. chrysophilum</i>	<i>C. sp</i>	-	gloesporioides

GLSJ98	<i>C. scovillei</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. fruticola</i>	-	-
GLSJ99	<i>C. scovillei</i>	<i>C. aenigma</i>	<i>C. nymphaeae</i>	<i>C. nymphaeae</i>	-	-

Esta tabela foi incluída nesta versão da tese devido à ausência dos códigos de acesso do GenBank até a data da submissão.
Os respectivos acessos estarão disponíveis no artigo científico em fase de publicação.

ANEXO D - Método de Doyle e Doyle (1987), de extração de DNA com modificações

1. Crescer as colônias em meio líquido completo
2. Macerar com Nitrogênio líquido
3. Transferir para microtubo de 2mL
4. Acrescentar 750 μ L do tampão CTAB 2% e 15 μ L de 2-mercaptoetanol
5. Inverter os tubos por aproximadamente 10 vezes, até obter uma solução homogênea
6. Incubar a 65°C por 30 min, invertendo os tubos a cada 10 min
7. Adicionar 520 μ L de clorofórmio:álcool isoamílico-24:1 (CIA)
8. Inverter suavemente por aproximadamente 10 vezes, homogeneizando a solução
9. Centrifugar a 13.000 rpm por 10 min
10. Transferir sobrenadante (aprox. 500 μ L) para novo tubo de 1,5 mL e acrescentar igual volume de isopropanol gelado (~500 μ L) e 50% do volume de acetato de amônio 7,5M (~250 μ L), para remoção dos polissacarídeos
11. Centrifugar a 13.000 rpm por 10 min a 4°C (temp. opcional)
12. Descartar o sobrenadante e lavar o pellet com 100 μ L de etanol 90%
13. Centrifugar a 10.000 rpm por 5 min a 4°C (temp. opcional)
14. Descartar o sobrenadante e secar o pellet com papel absorvente (Não precisa secar em banho-maria a 65°C)
15. Solubilizar o pellet em 50-100 μ L de água MiliQ
16. Deixar no -20°C por 1 dia e quantificar em Nanodrop

ANEXO E - Reagentes Utilizados Tampão de Extração

- CTAB 2% - Detergente que age para romper as membranas celulares e liberar do DNA. Atua também na separação dos ácidos nucleicos de polissacarídeos, que por sua vez inibem a realização de algumas análises como a realização de PCR e migração eletroforética. Os polissacarídeos e o DNA possuem solubilidade diferenciada na presença deste detergente.
- PVP 1% - Age como um antioxidante protegendo o DNA da ação de compostos fenólicos (taninos, quinonas e polifenóis), que oxidam o DNA irreversivelmente, tornando-o inaccessível.
- NaCl 1,4 M – Necessário para solubilização e ação do CTAB, além de ser essencial para permitir a precipitação do DNA na presença do álcool.
- Tris-HCl 100 mM pH 8,0 – utilizado para manter o pH da solução próximo de 8,0, desfavorecendo a ação de enzimas que poderiam danificar o DNA.
- EDTA 20mM pH 8,0 – Esse ácido é uma substância quelante de cátions divalentes como Mg^{+2} e Ca^{+2} e, portanto inibe a ação de Enzimas que utilizam esses metais como cofatores, evitando principalmente a ação de DNases que podem degradar o DNA. Além de ajudar a manter o pH por volta de 8,0, enquanto o pH ótimo para ação de DNases endógenas fica por volta de 7,0.
- 2-Mercaptoetanol 1% - desnatura enzimas peroxidases e polifenoloxidasas, impedindo a ação danosa dessas enzimas sobre o DNA.
- Água - Meio necessário para que as reações ocorram.
- CIA 24:1 - Clorofórmio + Alcool isoamilico - São solventes orgânicos utilizados para desnaturar as proteínas que estão ligadas aos ácidos nucleicos, tornando-as insolúveis a fase aquosa, a qual se encontram os ácidos nucleicos.
- Isopropanol - Utilizado para precipitar o DNA.
- Etanol - Utilizado para lavar o DNA precipitado, removendo sais que co-precipitam com o DNA.
- RNase - Utilizada para degradar o RNA, da amostra de DNA.
- Pk- Proteinase K.

ANEXO F - Quantificação em Nanodrop e Gel de agarose

A quantificação e verificação da qualidade das amostras de DNA foram realizadas por espectrofotometria, utilizando o sistema NanoDrop®. Essa análise permite avaliar a concentração e a pureza do DNA isolado, assegurando a adequação do material para posterior amplificação via PCR. A integridade das amostras foi confirmada por eletroforese em gel de agarose a 0,8%. O DNA extraído foi armazenado a - 20°C até a realização das análises genético-moleculares com marcadores SSR.

ANEXO G - Protocolo de Purificação de Produtos de PCR com PEG 8000 20% - NaCl (2,5M)

1. Identificar os microtubos de 200 µL com o nome da respectiva amostra;
2. Pipetar o produto de PCR da placa de 96 poços para o microtubo de purificação;
3. Adicionar o mesmo volume de PEG 8000 20% - NaCl (2,5 M) para volume de produto de PCR (Ex. 15 µL PCR + 15 µL PEG 8000). O PEG 8000 20% possui certa viscosidade. Tomar cuidado para não introduzir muito a ponteira, evitando assim a sobrepipetagem em função da retenção externa;
4. Incubar 30 min em termociclador a 37 °C;
5. Centrifugar 20 min a 13.000 rpm (Pellet jogado para lateral);
6. Retirar cuidadosamente e descartar 2/3 do sobrenadante. Evitar movimentos bruscos no tubo nesta etapa;
7. Adicionar 125 µl de etanol 80 % gelado;
8. Centrifugar 2 min a 13.000 rpm;
9. Retirar cuidadosamente e descartar 2/3 do sobrenadante;
10. Adicionar 125 µl de etanol 90 % gelado;
11. Centrifugar 2 min a 13.000 rpm;
12. Retirar cuidadosamente e descartar 2/3 do sobrenadante;
13. Adicionar 125 µl de etanol 100 % gelado;
14. Centrifugar 2 min a 13.000 rpm;
15. Retirar cuidadosamente e descartar 2/3 do sobrenadante;
16. Secar os tubos em estufa a 37 °C por 20-30 min até que não haja vestígios de etanol;
17. Ressuspender em 5-10 µl de água ultrapura ou autoclavada overnight a 4 °C ou durante 30 min a 60 °C em termociclador;
18. Vortexar e deixar em geladeira por pelo menos 2 h;
19. Quantificar em gel 1,5% (1 uL do produto PCR, 2uL gel red, 1 uL de ladder);
20. Armazenar em -20 °C.

CAPÍTULO 3 – PROPRIEDADES MECÂNICAS DAS BAGA EM GENÓTIPOS DE VIDEIRAS EM DIFERENTES ALTITUDES

Resumo

Perdas significativas na produção vitivinícola estão associadas à incidência de doenças, como a podridão da uva madura, especialmente em safras com alta umidade e precipitação no sul do Brasil. Embora *Colletotrichum gloeosporioides* (sin. *Glomerella cingulata*) seja frequentemente citado como o principal agente causal, outras espécies pertencentes aos complexos *acutatum* e *boninense* também têm sido relacionadas à doença. Este trabalho teve como objetivo avaliar a firmeza da epiderme e a resistência à penetração das bagas, bem como sua associação com a infecção por *Colletotrichum* spp., em diferentes variedades de uva. Foram avaliadas 11 variedades, incluindo sete variedades PIWI, uma *Vitis vinifera*, uma *V. labrusca* e uma *V. shuttleworthii*, cultivadas nos municípios de Videira e Curitibanos, em Santa Catarina. As análises incluíram resistência à perfuração, espessura da casca, força de compressão, severidade da podridão e maturação fisiológica no momento da colheita. Os resultados mostraram que variedades com cachos mais densos e pesados apresentaram maior severidade da doença, especialmente sob condições ambientais úmidas. A correlação positiva entre o peso do cacho e a severidade da podridão reforça a necessidade de práticas de manejo que promovam maior circulação de ar nos vinhedos, como podas adequadas e controle do dossel vegetativo. Variedades com maior acidez apresentaram menor incidência da doença, sugerindo que características físico-químicas influenciam a resistência. Adicionalmente, bagas com maior resistência mecânica à ruptura mostraram menor suscetibilidade à infecção, destacando a importância desse parâmetro para colheita e transporte. As diferenças microclimáticas entre Videira e Curitibanos também influenciaram os níveis de severidade, sendo Curitibanos ligeiramente mais favorável ao desenvolvimento da doença. Conclui-se que variáveis como força mecânica, severidade da podridão, °Brix, pH e acidez devem ser consideradas na seleção de variedades e no planejamento de práticas de manejo. Os resultados contribuem para programas de melhoramento genético, escolha de cultivares mais resistentes e adoção de estratégias regionais para redução da incidência da podridão da uva madura.

Palavras chaves: Podridão da uva madura, *Colletotrichum* spp., variedades PIWI, firmeza da epiderme, resistência à penetração.

Abstract

Significant losses in grapevine production are associated with the occurrence of diseases such as ripe rot, particularly during growing seasons characterized by high humidity and rainfall in southern Brazil. Although *Colletotrichum gloeosporioides* (syn. *Glomerella cingulata*) is widely reported as the primary causal agent, other species from the *acutatum* and *boninense* complexes have also been associated with the disease. This study aimed to evaluate berry skin firmness and penetration resistance, and their association with *Colletotrichum* spp. infection across different grapevine cultivars. Eleven grapevine varieties were evaluated, including seven PIWI varieties, one *Vitis vinifera*, one *V. labrusca*, and one *V. shuttleworthii*, cultivated in the municipalities of Videira and Curitibanos, in Santa Catarina, Brazil. Evaluations included puncture resistance, skin thickness, compression force, ripe rot severity, and physiological ripeness at harvest. The results indicated that heavier and denser clusters were associated with higher disease severity, particularly under humid environmental conditions. A positive correlation between cluster weight and disease severity highlights the need for vineyard management practices that enhance air circulation, such as proper pruning and canopy control. Varieties with higher acidity showed lower disease incidence, suggesting that physicochemical traits influence resistance. In addition, berries with greater mechanical resistance to rupture were less susceptible to infection, emphasizing the importance of this trait for harvest and post-harvest handling. Microclimatic differences between Videira and Curitibanos also influenced disease expression, with Curitibanos being slightly more favorable for ripe rot development. In conclusion, variables such as mechanical strength, disease severity, °Brix, pH, and acidity should be considered when selecting grapevine cultivars and planning management strategies. These findings contribute to genetic improvement programs, the selection of more resistant cultivars, and the development of regional strategies to reduce the incidence of grape ripe rot.

Keywords: grape ripe rot, *Colletotrichum* spp., PIWI varieties, skin firmness, penetration resistance.

7.1 INTRODUÇÃO

A textura resulta do arranjo de várias espécies químicas por forças físicas em micro e macroestruturas distintas, sendo a textura a manifestação externa dessas estruturas (Bourne, 2002). Por ser uma das características de qualidade mais importantes em frutas e vegetais comestíveis, a textura se tornou objeto de técnica analítica que é utilizada para a definição e controle das propriedades físicas dos alimentos. Esta análise inclui todas as características físicas sentidas pelo toque que estão relacionadas à deformação sob uma força aplicada e podem ser medidas objetivamente em termos de força, distância e tempo.

Por exemplo, a avaliação da compactação da polpa e da consistência da epiderme da baga fornece informações relevantes para a aceitação do produto pelo cliente (Sims; Halbrooks, 1986; Laszlo; Saayman, 1991; Mencarelli et al., 1994; Sato et al., 1997; Sato; Yamada, 2003). Com o uso do texturômetro é possível definir a dureza da epiderme da baga, medida por um teste de punção, que consiste de dois parâmetros diferentes, a força de ruptura e a energia de ruptura. A medição da textura da uva serve como estimativa da maturação da uva. Assim, as contribuições científicas estão principalmente relacionadas com a evolução de propriedades mecânicas durante o amadurecimento, como a dureza da epiderme da baga (Abbal et al., 1992; Robin et al., 1996; Ruiz Hernandez, 1996; Robin et al., 1997; Le Moigne et al., 2008; Letaief et al., 2008; Rolle et al., 2009; Torchio et al., 2010). No entanto, há poucas pesquisas publicadas sobre a aplicação da análise de textura em uvas viníferas.

A espessura da epiderme é uma das características morfológicas mais importantes da casca da uva, pois afeta a regulação das trocas gasosas, a suscetibilidade da baga a doenças fúngicas e a resistência a lesões mecânicas (Rosenquist; Morrison, 1989; Kok; Çelik, 2004). A espessura da epiderme da uva varia de acordo com a variedade estudada (Muganu et al., 2011; Giacosa et al., 2014; Rolle et al., 2012a), confirmando que este parâmetro é geneticamente influenciado, sendo útil como característica varietal que pode estar associada a outras características, como a suscetibilidade a doenças fúngicas.

A avaliação de espessura da epiderme da baga pode ser obtida por observação histológica ou análise de textura (Letaief et al., 2008; Rolle et al., 2012c). A medição instrumental da espessura da epiderme permite minimizar o tratamento da amostra sem o uso de reagentes ou procedimentos especiais, agilizando assim o processo da análise. A espessura da epiderme, pode estar relacionada com as condições ambientais (Rolle et al., 2012b), sendo sensível ao clima e às condições macroclimáticas do cacho (Porro et al., 2008; Muganu et al., 2011), tendo relação direta com os regimes hídricos em que a variedade é submetida (Giordano et al., 2013).

Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar em distintos genótipos de videiras, cultivados em distintos ambientes, a magnitude da firmeza da epiderme e a resistência à penetração da baga e sua associação com a podridão da uva madura, causada pela infecção de *Colletotrichum* spp.

7.2 METODOLOGIA

7.2.1 Localização das coletas a campo

As coletas das bagas foram realizadas nos vinhedos da Área Experimental Agropecuária da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Campus de Curitibanos (-27°27'36", -50°50'31", 1110 m de altitude), Curitibanos e da Estação Experimental de Videira (EEV) (EPAGRI) (-27°00', -51°09', 840 m de altitude), Videira (Figura 1). As amostras foram coletadas durante duas safras, sendo elas 2020/2021 e 2021/2022, no momento de maturação. Após cada colheita, as bagas foram levadas a distintos laboratórios de acordo com a estrutura e a capacidade instalada de realização das diferentes análises: Laboratório de Morfogênese Vegetal do Núcleo de Estudo da Uva e do Vinho (NEUVIN), Central de Análises, Engenharia Química e Engenharia de Alimentos (EQA), ambos da UFSC e no Laboratório de Análises físico-químicas da Estação da Epagri de Videira.

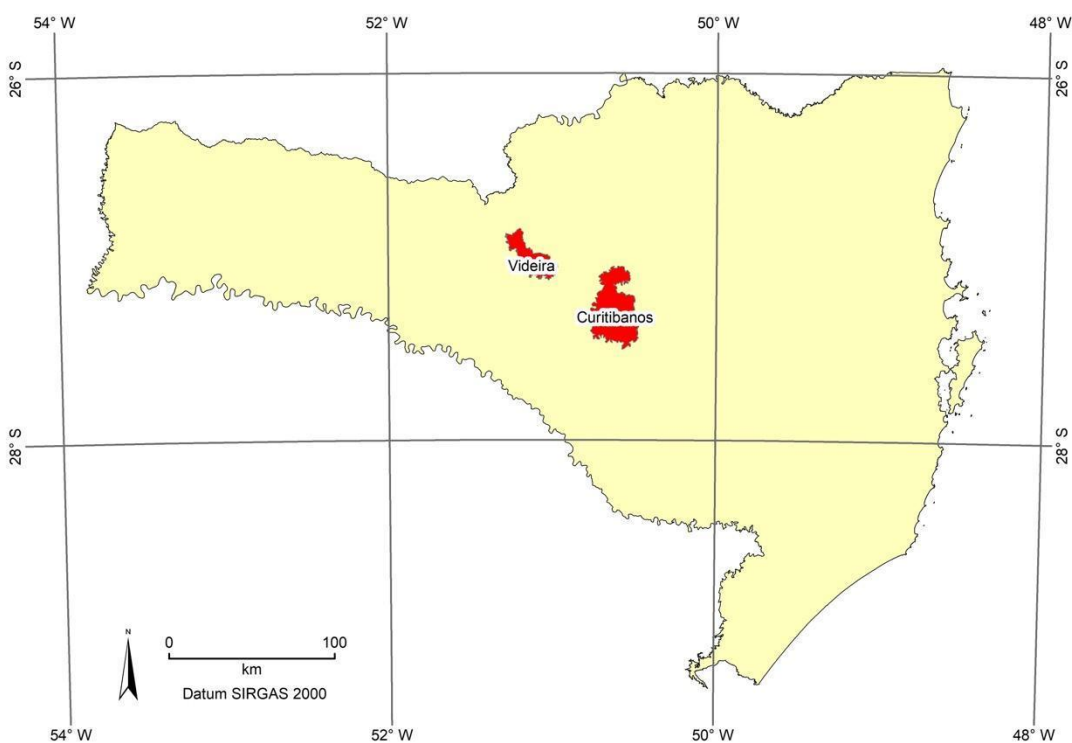


Figura 1. Localização dos vinhedos em Videira e Curitibanos, Santa Catarina, onde foram coletadas bagas para avaliação morfo-anatômica.

7.2.2 Variedades usadas no presente estudo

Os vinhedos foram implantados em setembro de 2017, sob o sistema de condução em espaldeira, com distância de 3,0 entre linhas e 1,20 m entre plantas, enxertados sob Paulsen 1103. No presente estudo foram avaliadas oito variedades PIWI, que apresentam alelos de resistência a míldio e oídio; duas de *V. vinifera*, que não apresentam alelos de resistência às doenças referidas e a introdução PI 4407 (*V. shuttleworthii*) (Tabela 1). Todas as variedades PIWI são oriundas de retrocruzamentos modificados, com mais de 90% de genoma de *V. vinifera* (MAUEL, 2021). Os genótipos PIWI foram selecionados por apresentarem respostas diferenciais à severidade da podridão da uva madura. Além destes, foram adicionados como controle positivo a variedade vinífera Sauvignon Blanc e como controle negativo o clone PI 4407 (*V. shuttleworthii*).

Tabela 1. Obtentor e parentais das variedades a serem utilizadas no presente estudo.

Variedades	Obtentor	Parentais
Bronner	WBI	Merzling x Geisenheim 6494
Calardis Blanc	JKI	Calardis Musque x Seyve Villard 39-639
Felicia	JKI	Sirius x Vidal Blanc
Helios	WBI	Merzling x Freiburg -986-60
Regent	JKI	Diana x Chambourcin
Merlot ²	ND	Magdeleine Noire des Charentes x Cabernet Franc
Prior	WBI	Freiburg 4-61 x Freiburg – 236-75R
Poloskei Muskotaly	ND	ND
Sauvignon Blanc	ND	Savagnin (= Traminer) x ?
Souvignier Gris	WBI	Cabernet Sauvignon x Bronner
<i>V. shuttleworthii</i> PI 4407	ND	População cultivada em SC

PIWI; Inno Vitis - Itália; JKI – Alemanha; WBI- Alemanha; VCR (Vivai Cooperativi Rauscedo) - Itália;UD (Università degli Studi di Udine - Itália. Fonte: VIVC, 2018. ND* Não disponível

7.2.3 Análise física de textura das bagas

As análises físicas dos cachos e de textura de baga foram realizadas no Laboratório Engenharia Química e de Alimentos (EQA) e Laboratório de Morfogênese e Bioquímica do Núcleo de Estudos da Uva de do Vinho - NEUVIN. Nas avaliações de perfuração e espessura da epiderme, foi utilizado o equipamento TAxT2i Texture Analyzer plus (Stable Micro Systems, Godalming, Reino Unido).

7.2.3.1 Avaliação de perfuração com sonda cilíndrica (2 mm) – Fsk e Wsk

Na avaliação de resistência da casca foram avaliadas 15 bagas por cacho (cinco bagas do terço superior, cinco da porção mediana e cinco do terço final do cacho), de 15 cachos por variedade, sendo três por bloco, dos dois vinhedos, nas safras 2020/2021 e 2021/2022. Para esta análise, as bagas foram cortadas do cacho rente ao pedicelo.

A tentativa de penetração da sonda deu-se no sentido da porção equatorial das bagas até 15 mm, com força constante de 0,05 N, à velocidade de 1 mm.s⁻¹. Dessa forma, foi obtida a medida de força máxima (N) de compressão, para correlacionar a textura das bagas com a severidade da doença. As medições foram realizadas no TAxT2i equipado com uma plataforma HDP/90 e uma célula de carga de 25 kg. As avaliações foram realizadas em 400 Hz, utilizando o Software Texture Expert Exceed versão 2.54 (Fsk – força máxima para a penetração da sonda na baga, medida em N, e Wsk – mede a área abaixo da curva de deformação entre os valores de força 0 e Fsk, para romper a casca da baga, energia medida mJ). A metodologia de Letaief et al. (2008) foi adaptada para identificar possível associação entre a textura das bagas com a severidade da podridão da uva madura.

7.2.3.2. Avaliação da espessura da casca - SPsk

Para medir a espessura da casca, foram utilizadas 10 bagas aleatórias por bloco, totalizando 50 bagas de cada uma das 10 variedades, por vinhedo, totalizando 1000 bagas avaliadas por safra. Com o auxílio de uma lâmina, foi retirado parte da epiderme de cada baga, sem polpa no momento da avaliação e acondicionada na plataforma. As avaliações também foram realizadas no TAxT2i, seguindo a metodologia de Letaief et al. (2008), onde a célula de carga de 5 kg, acoplada a uma sonda cilíndrica de 2 mm (Plataforma HDP/90), com uma velocidade de 0,2 mm/s, foi utilizada para atravessar a epiderme da uva.

Uma porção limpa da amostra, sem polpa, foi colocada na base da plataforma HDP/90, deixando-a aderir à superfície da plataforma, em um movimento de compressão de $0,2 \text{ mm.s}^{-1}$. O parâmetro instrumental da espessura da casca da baga (Spsk) foi definido como a distância (em μm) entre o ponto em que a sonda tocou a amostra da pele e a base da plataforma. Para definir corretamente o ponto de toque, foi necessário incluir um acionador instrumental de 0,05 N, para evitar o efeito cauda (Letaief et al., 2008).

7.2.4 Avaliação da Severidade da doença (%)

A avaliação da severidade da podridão da uva madura foi realizada em cinco cachos de duas plantas por bloco em cada safra e vinhedo, no momento da colheita, com base na Escala Diagramática de Hill et al. (2010).

7.2.5 Maturação Tecnológica: Teores de Sólidos Solúveis Totais, Acidez Total Titulável e pH

Foram utilizadas triplicatas de 30 bagas aleatórias coletadas nos cinco blocos de cada variedade e safra. No laboratório da Estação Experimental Epagri de Videira foram determinados no mosto das bagas de uva os Sólidos Solúveis Totais ($^{\circ}\text{Brix}$), a Acidez Total Titulável (meq L^{-1}) e o pH conforme a metodologia proposta pelo Office International de la Vigne et du Vin (OIV, 2009). A acidez total titulável (ATT) foi obtida com a metodologia de titulação, em que se adiciona-se 5 ml de mosto, 75 ml de água destilada e duas gotas de fenolftaleína (1%). Sob agitação, uma solução de hidróxido de sódio ($\text{NaOH } 0,1 \text{ N}$) é adicionada até a mudança na coloração. Os Sólidos Solúveis Totais ($\text{SST-}^{\circ}\text{Brix}$) foram determinados pela leitura direta com refratômetro digital de bancada (Instrutherm- RTD-45). O aparelho foi calibrado com água destilada, em seguida o mosto foi distribuído sobre o prisma, a leitura foi realizada diretamente em $^{\circ}\text{Brix}$. O pH do mosto foi avaliado em pHmetro de bancada (MP 220 Metler-Toledo), calibrado com soluções tampão a pH 4,0 e pH 7,0.

7.2.6 Análises físicas dos cachos

Foram utilizados dois cachos aleatoriamente coletados por variedade. Os cachos foram pesados, mensurados o comprimento (cm) e a massa (g). Foi calculado o Índice de Compactação dos cachos, a partir da relação entre: $[\text{peso de cacho (g)}] / [\text{comprimento de cacho}]^2$, proposto por Tello e Ibañes (2014).

7.2.7 Dados Climáticos

Os dados das variáveis climáticas foram coletados em estações meteorológicas ao lado dos vinhedos e fornecidos pelo Centro de Informações de Recursos Ambientais e de Hidrometeorologia de Santa Catarina - Epagri/CIRAM. Os dados climáticos de temperatura do ar média (°C), precipitação pluviométrica (mm), umidade relativa do ar média (%) e molhamento foliar, foram avaliados segundo a Organização Mundial de Meteorologia (OMM).

7.2.8 Análise estatística

O delineamento experimental utilizado para as análises físicas foi de blocos completos ao acaso (BCC), com cinco blocos. Os dados de perfuração, severidade, maturação e avaliações físicas foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e comparados pelo Teste SNK a 5% de probabilidade de erro, utilizando o pacote "metan" (Olivoto; Lúcio, 2022). Foi realizado a PCA, com os dados previamente estandarizados para correlacionar as variáveis analisadas, utilizando o pacote "factoextra" (Kassambara; Mundt, 2017), posteriormente foram realizadas análises de permutação a fim de verificar a significância dos modelos, utilizando o pacote "syndRomics" (Torres-Espin et al., 2021). Também foram realizadas análises de correlação utilizando o pacote "corrplot" (Wei et al., 2017). Foi calculado o índice de suscetibilidade (IS), a partir dos dados de severidade. Esse índice é calculado segundo metodologia proposta por Boso et al. (2014). O IS calculado para todos os genótipos em estudo, conforme a equação: $IS = (Severidade (\%) \text{ da variedade em questão} / \text{maior valor de severidade (\%) da variedade com maior severidade média}) \times 100$. Os genótipos foram classificados em cinco categorias (tabela 2) (Boso et al., 2014). Todas as análises foram realizadas utilizando o software R 4.3.1 (R Core Team, 2017).

Tabela 2. Classificação de categorias de susceptibilidade de podridão segundo Boso et al. (2014).

Categoria	Siglas	%
Altamente resistente	AR	0 a 3,5%
Resistente	R	3,51 a 10%
Intermediário	I	10,1 a 25%
Suscetível	S	25,1 a 50%
Altamente suscetível	AS	50,1 a 100%

7.3 RESULTADOS

7.3.1 Dados Meteorológicos

A Figura 2 apresenta os dados climáticos de Videira nas safras de 2019/2020 e 2020/2021, incluindo precipitação, temperatura média, umidade relativa e molhamento foliar. A precipitação, representada pelas barras azuis, mostra variações mensais, com picos em junho de 2020 e janeiro de 2021, quando os níveis de chuva ultrapassaram 40 mm. Esses períodos coincidem com o desenvolvimento e maturação das uvas, o que pode aumentar o risco de podridão devido ao excesso de umidade.

A temperatura média, representada pelas barras verde musgo (Figura 2), se manteve entre 15°C e 25°C durante o período. As temperaturas mais altas, superiores a 22°C, ocorreram em dezembro de 2020 e janeiro de 2021, favorecendo o crescimento das videiras e o acúmulo de açúcar nas uvas. Já as temperaturas mais baixas, de cerca de 15°C, foram registradas em julho de 2021, durante o período de dormência da videira.

A umidade relativa, indicada pela linha vermelha (Figura 2), permaneceu em torno de 80% durante grande parte do ano. Essa alta umidade, especialmente nos meses com maior precipitação e temperatura, pode favorecer o desenvolvimento de patógenos como *Colletotrichum* spp., aumentando a severidade da podridão da uva madura.

O molhamento foliar, representado pela linha preta, mostrou aumento significativo entre novembro e fevereiro, coincidente com os meses de maior precipitação e umidade, o que cria condições ideais para a disseminação de doenças fúngicas, como a podridão da uva no vinhedo de Videira.

A combinação de alta precipitação e umidade em meses críticos como dezembro e fevereiro pode ter contribuído com o aumento do risco de podridão, especialmente em variedades com cachos mais compactos. Nessas condições é crucial adotar medidas de controle fitossanitário e garantir uma boa ventilação nos vinhedos para reduzir a susceptibilidade às doenças.

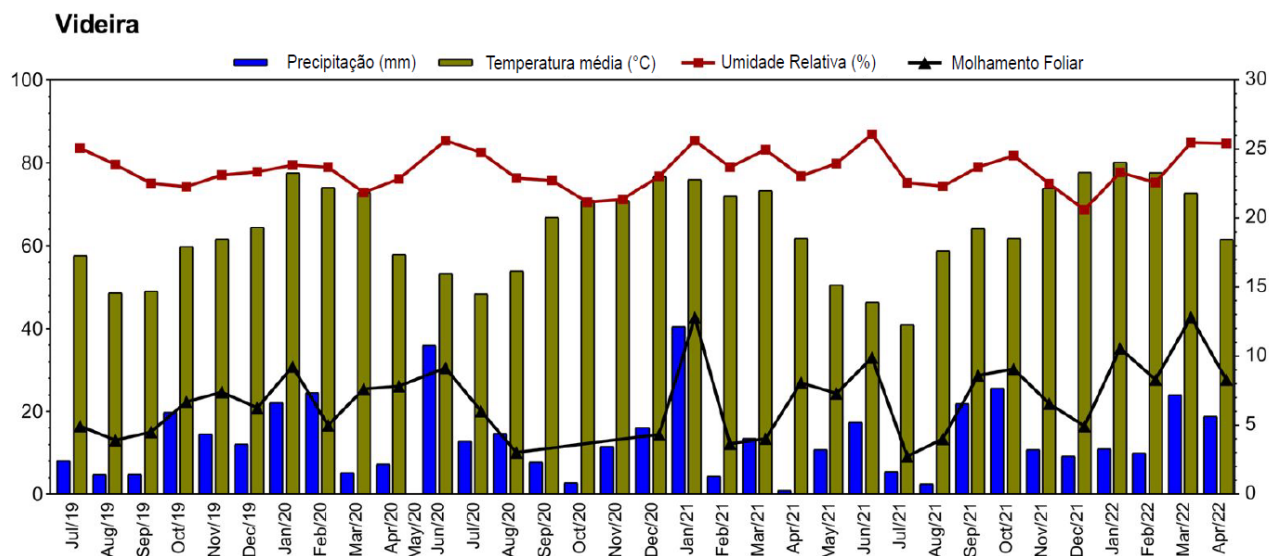


Figura 2. Dados climáticos nos vinhedos de Videira, safra 2019/2020 e 2020/2021.

A baixa precipitação nos meses de julho e agosto pode ter favorecido o acúmulo de compostos fenólicos e açúcares nas uvas, o que é crucial para a qualidade do vinho. Altas temperaturas em dezembro e janeiro promoveram o crescimento vegetativo e o amadurecimento das uvas, resultando em bom acúmulo de açúcares (°Brix), embora possam também ter aumentado a pressão de doenças se o manejo não for adequado.

A Figura 3 destaca a importância de fatores climáticos no manejo dos vinhedos e na qualidade das uvas na região de Curitiba. Altas precipitações e umidade tendem a aumentar o risco de doenças, enquanto temperaturas favoráveis promovem o acúmulo de açúcares. Para Curitiba, ocorreu um pico de precipitação em janeiro de 2021, ultrapassando 80 mm, o que pode ter aumentado o risco de podridão da uva devido ao acúmulo de umidade. Os menores níveis de precipitação foram registrados entre junho e agosto de 2020 e julho de 2021, com chuvas abaixo de 20 mm, criando condições favoráveis ao amadurecimento das uvas e ao acúmulo de açúcares.

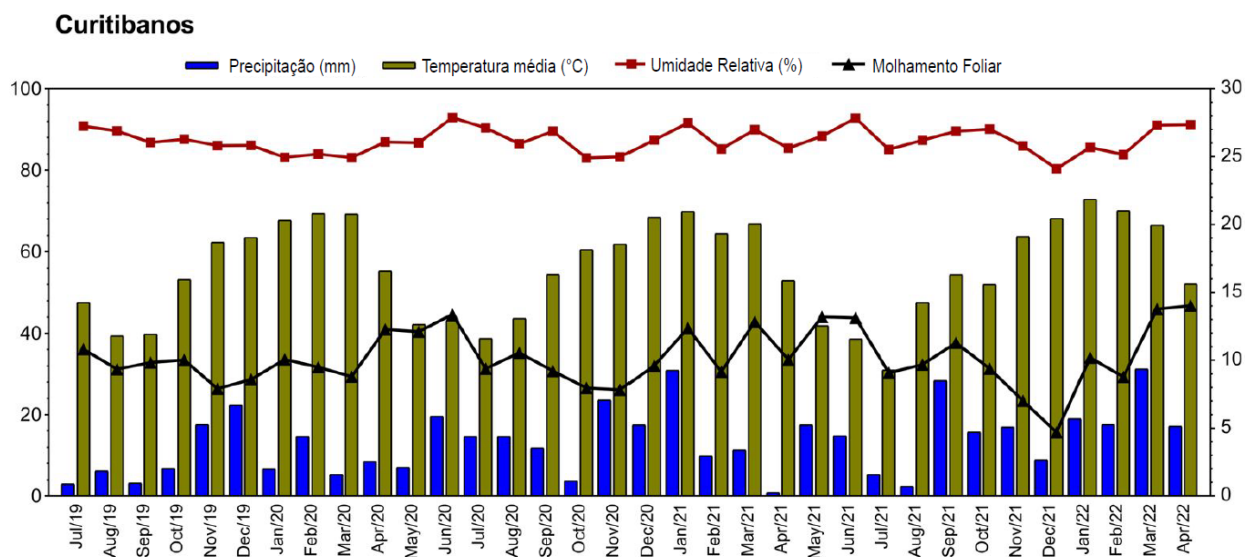


Figura 3. Dados climáticos na cidade de Curitiba, safra 2019/2020 e 2020/2021.

A temperatura média em Curitiba varia entre 15 °C e 22 °C durante as duas safras, com picos de temperatura observados entre dezembro e janeiro, favoráveis ao amadurecimento das uvas e ao acúmulo de açúcares. Nos meses de junho e julho, a temperatura cai para cerca de 15 °C, refletindo o período de dormência da videira, crucial para sua regeneração. A umidade relativa do ar mantém-se constante em torno de 80% ao longo do ano. A alta umidade nos meses de janeiro e fevereiro, associada à elevada precipitação, pode aumentar o risco de doenças fúngicas, como a podridão da uva madura, especialmente em variedades mais suscetíveis. O molhamento foliar atinge picos entre 12 e 18 horas em dezembro de 2020 e fevereiro de 2021 no vinhedo de Curitiba. Esse aumento, combinado com alta precipitação e umidade, cria condições ideais para o desenvolvimento de patógenos, exigindo um controle fitossanitário rigoroso.

Comparando Curitiba com Videira, constata-se um padrão climático semelhante, embora Curitiba tenha uma distribuição de chuvas mais equilibrada, enquanto Videira apresenta picos mais acentuados de precipitação. As temperaturas médias são comparáveis, o que favorece o cultivo da videira, mas Curitiba pode ser ligeiramente menos úmida, o que pode reduzir a susceptibilidade a doenças. A elevada precipitação durante o ciclo de crescimento da videira, especialmente nos meses críticos de janeiro e fevereiro, aumenta o risco de doenças fúngicas, tornando essencial o manejo adequado e a aplicação de fungicidas. O molhamento foliar prolongado agrava a situação, pois facilita a disseminação de patógenos. As temperaturas médias no verão são favoráveis ao amadurecimento das uvas, permitindo um bom acúmulo de açúcares. As baixas temperaturas do inverno garantem uma dormência adequada

para um crescimento vigoroso na próxima safra. A alta umidade relativa é um fator-chave para o desenvolvimento de patógenos, o que requer práticas de manejo, como poda adequada, para melhorar a circulação de ar e reduzir o molhamento foliar, minimizando o impacto negativo das doenças.

7.3.2 Avaliação de perfuração com sonda cilíndrica (2 mm)

7.3.2.1 Força necessária para a penetração da sonda cilíndrica (2 mm) na baga– Fsk

O Fsk (resistência da casca à penetração da sonda) foi medido em diferentes variedades de uvas, com variação de 2,52 a 6,41 N nas duas safras avaliadas. A variedade Poloskei Muskotaly destacou-se por exigir a maior força de penetração (5,65 N). Na safra 2020/2021, a variedade Regent apresentou a maior resistência, com 5,09 N em Videira e 5,49 N em Curitibaanos. Já em 2021/2022, a resistência diminuiu (4,07 N), sugerindo a influência de condições ambientais ou práticas de manejo. Variedades como Helios e Felicia apresentaram a menor resistência, com médias de 2,61 N e 3,19 N, respectivamente (Tabela 3).

As diferenças de altitude, temperatura e umidade entre Videira e Curitibaanos influenciaram a espessura da casca das uvas, com o local de maior altitude resultando em cascas mais espessas e maior resistência. Variedades com casca mais resistente, como Regent e Sauvignier Gris, foram menos suscetíveis a infecções fúngicas e podem melhorar a qualidade do vinho. Uvas com casca mais fina, como Helios (2,61 N), podem ser mais vulneráveis a danos e infecções por fungos (Tabela 3).

As variedades de uvas foram agrupadas com base na resistência à penetração da sonda, levando em consideração a interação entre genótipo e ambiente. O primeiro grupo incluiu as variedades Bronner, Regent e Sauvignon Blanc, que apresentaram maiores valores de resistência à penetração na primeira safra em ambos os locais, enquanto a variedade Prior mostrou comportamento inverso. O segundo grupo, composto por Calardis Blanc e Sauvignier Gris, demonstrou maior resistência em um local na primeira safra, mas valores menores no outro local. Já o terceiro grupo, com as variedades Felicia e Helios, mostrou uma variação maior entre os anos em um dos locais, mas sem mudanças no outro. A *PI 4407* foi a menos afetada pelas variações de locais e anos de cultivo (Tabela 3).

Tabela 3. Força necessária para perfurar a baga com sonda cilíndrica (2 mm), safra 2020/2021 e 2021/2022, Videira (840 manm) (VID) e Curitibaanos (1110 manm) (CUR).

Variedade	Fsk - Berry Skin Break Force (N) 2020/21	Fsk - Berry Skin Break Force (N) 2021/22
-----------	--	--

	VID	CUR	Média	VID	CUR	Média
Bronner	4,27 a BCD	4,20 a C	4,24 BC	3,81 a D	3,29 b F	3,56 F
Calardis Blanc	3,88 b D	5,07 a B	4,41 B	2,98 b F	6,41 a A	4,51 B
Felicia	3,13 a E	3,27 a D	3,19 D	4,36 a C	3,15 b F	3,75 EF
Helios	2,52 a F	2,76 a E	2,61 D	4,97 a B	2,66 b G	3,82 DE
Prior	4,03 a CD	3,99 a C	4,02 C	5,01 a B	4,38 b DE	4,69 B
Regent	5,49 a A	4,60 b C	5,09 A	4,11 a CD	4,03 a E	4,07 CD
Sauvignon Blanc	4,47 b BC	5,66 a A	5,07 A	3,41 b E	4,94 a BC	3,85 DE
Souvignier Gris	4,53 a B	4,02 b C	4,30 BC	4,18 b C	5,13 a B	4,65 B
<i>V. shuttleworthii</i>						
PI 4407	4,08 a BCD	4,41 a C	4,13 BC	4,09 a CD	4,57 a CD	4,16 C
Poloskei						
Muskotaly	.	.	.	6,11 a A	4,49 b CD	5,65 A
Média	4,01 b	4,16 a		4,30 a	4,16 b	

Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na coluna e médias seguidas de mesmas letras minúsculas na linha, não são estatisticamente diferentes pelo teste SNK 5%. ND – Não disponível.

Comparando a força necessária para a penetração da sonda nas bagas colhidas nos dois vinhedos na safra de 2021, não houve diferença estatística significativa entre as variedades Bronner, Felicia, Sauvignier Gris, Helios, Prior e PI 4407 em ambos os locais. Entretanto, houve diferença significativa para as variedades Calardis Blanc, Sauvignon Blanc e Regent. Na segunda safra, as variedades Bronner, Regent e PI 4407 não apresentaram diferenças significativas entre os ambientes, enquanto Calardis Blanc, Felicia, Helios, Prior, Sauvignon Blanc e Sauvignier Gris mostraram diferenças. É importante salientar que as variedades que possuem maior firmeza, precisam de uma força maior para romper a epiderme foram Calardis Blanc, Sauvignier Gris, Regent e Poloskei Muskotaly e as de menor firmeza, Felicia e Helios.

7.3.2.2 Energia necessária para romper a casca com sonda cilíndrica (2 mm) –Wsk

Wsk mede a energia necessária para romper a casca da uva, sendo calculada pela área abaixo da curva de deformação entre os valores de força 0 e Fsk (Letaief et al., 2008). Na primeira safra, os valores de Wsk variaram de 2,52 a 5,66 mJ, enquanto na segunda safra variaram de 2,98 a 6,41 mJ, resultando em diferentes coeficientes de variação para as duas safras. Na segunda safra, a energia necessária para romper a casca foi maior do que na primeira, e a variedade Poloskei Muskotaly exigiu a maior força (5,65 N). Comparando os resultados entre locais e safras, a energia necessária para romper a casca foi semelhante à força de penetração (Fsk) nas variedades Calardis Blanc, Felicia, Helios, Prior, Regent e Sauvignier Gris. No entanto, o comportamento inverso foi observado nas variedades Bronner e Sauvignon Blanc entre os locais. As variações de energia para romper a casca na PI 4407 foram atribuídas às diferenças entre as safras em um dos locais (Tabela 4).

Na safra 2020/2021, as variedades Souvignier Gris e Regent exigiram a maior energia para romper a casca das bagas (21,31 mJ), indicando que suas cascas eram mais resistentes em comparação com as outras variedades, o que poderia protegê-las melhor contra danos mecânicos e infecções fúngicas. Na safra 2021/2022, embora tenha havido uma leve redução na resistência das cascas (19,77 mJ), Souvignier Gris ainda se destacou pela alta resistência. As variedades com menor resistência, Felicia e Helios, apresentaram os menores valores de energia média para romper a casca (6,76 mJ e 7,42 mJ, respectivamente) em 2020/2021. Na safra seguinte, apesar do aumento na energia necessária, Helios e PI4407 continuaram com cascas menos resistentes. Os resultados mostraram que a energia necessária para romper a casca das bagas pode variar, dependendo das condições climáticas e das práticas de manejo de cultivo, indicando que não existe um padrão fixo para cada genótipo. Na safra 2021/2022, a variedade Poloskei Muskotaly apresentou a maior energia necessária para romper a casca da baga, atingindo 32,60 mJ em Videira, evidenciando uma resistência extremamente elevada. Embora essa resistência da casca seja vantajosa para a proteção contra patógenos, ela pode dificultar o processo de extração de suco durante a vinificação.

Tabela 4. Energia necessária para romper a baga, safras 2020/2021 e 2021/2022 Videira (840 manm) e Curitiba (1110 manm).

Variedade	Wsk - Berry Skin Break Energy (mJ) 2020/21			Wsk - Berry Skin Break Energy (mJ) 2021/22		
	VID	CUR	Média	VID	CUR	Média
Bronner	12,69 a D	12,27 a C	12,53 D	15,25 a DE	12,08 b G	13,72 D
Calardis Blanc	15,58 a C	13,82 b BC	14,80 C	11,27 b G	29,25 a A	19,26 B
Felicia	6,62 a F	6,93 a E	6,76 E	22,03 a B	7,24 b F	14,64 D
Helios	6,22 b F	9,43 a D	7,42 E	13,57 a F	10,32 b G	11,96 E
Prior	17,43 a BC	16,54 a B	17,10 B	19,41 a C	16,63 b E	18,02 C
Regent	19,08 b B	24,09 a A	21,31 A	12,58 b FG	15,33 a EF	13,95 D
Sauvignon Blanc	10,23 b E	16,22 a B	13,23 D	13,91 a EF	14,07 a F	13,95 D
Souvignier Gris	24,94 a A	16,76 b B	21,31 A	16,13 b D	23,40 a C	19,77 B
<i>V. shuttleworthii</i>						
PI 4407	17,12 b BC	24,27 a A	18,04 B	9,53 b H	25,46 a B	11,74 E
Poloskei						
Muskotaly	.	.	.	32,60 a A	21,33 b D	29,38 A
Média	14,73 a	14,83 a		16,29 a	16,74 a	

Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na coluna e médias seguidas de mesmas letras minúsculas na linha, não são estatisticamente diferentes pelo teste SNK 5%. ND – Não disponível.

A energia necessária para romper a casca da baga reflete a espessura e a resistência estrutural da pele. Variedades como Sauvignier Gris, Regent e Poloskei Muskotaly, que possuem maior resistência, são menos suscetíveis a danos físicos e infecções por patógenos, como *Colletotrichum* spp., causador da podridão da uva madura. Por outro lado, variedades com menor resistência, como Helios, têm casca mais fina e frágil, tornando-se mais vulneráveis a infecções fúngicas e danos, especialmente em ambientes com alta umidade. Essa resistência também impacta o processo de vinificação. Variedades com cascas mais espessas, como Sauvignier Gris, tendem a liberar menos suco durante a prensagem, o que pode afetar o rendimento do vinho. Já variedades como Helios, com cascas mais finas, têm maior rendimento de suco, mas são mais suscetíveis a problemas de qualidade devido à podridão das uvas.

7.3.2.3 Espessura da epiderme de bagas - Spsk

A espessura da epiderme (Spsk) variou de 115,6 μm a 317,0 μm na primeira safra e de 153,0 μm a 377,0 μm na segunda safra. Na primeira safra, as cascas das uvas colhidas em Videira foram, em média, mais espessas do que as de Curitiba, mas na segunda safra esse padrão se inverteu, exceto para a variedade Poloskei Muskotaly, que seguiu o padrão oposto. A Sauvignier Gris apresentou uma espessura de epiderme similar nas duas safras em cada local, mas foi mais espessa em Videira do que em Curitiba. A Sauvignier Gris teve a maior espessura de epiderme nas duas safras, com médias de 305,0 μm e 308,3 μm em Videira, e 238,1 μm em Curitiba. No outro extremo, as variedades com as epidermes mais finas foram Calardis Blanc na primeira safra (172,0 μm) e Bronner, Prior e PI4407 na segunda safra, com espessuras entre 165,2 μm e 166,2 μm . As demais variedades apresentaram valores intermediários de espessura da epiderme.

A variedade Sauvignon Blanc, na safra 2020/2021, apresentou uma espessura de epiderme considerável, com média de 292,8 μm (317,0 μm em Videira e 256,0 μm em Curitiba), o que indica, em tese, uma casca capaz de proteger contra danos físicos e infecções. Em 2021/2022, a espessura similar ao ano anterior, 289,6 μm , sugerindo consistência entre as safras. A variação da espessura da epiderme entre Videira e Curitiba pode ser atribuída a diferenças ambientais. A maior altitude de Curitiba, com temperaturas mais baixas e maior insolação, pode resultar em epiderme mais espessa devido ao crescimento mais lento das uvas. Em altitudes mais baixas, como em Videira, a espessura da epiderme foi menor que as de Curitiba. Fatores sazonais, como chuvas e insolação, além das práticas de manejo,

também podem influenciar diretamente a espessura da epiderme entre as safras. A espessura da epiderme das bagas apresentou diferenças estatisticamente significativas entre genótipos cultivados nos dois vinhedos, mesmo sendo submetidos às mesmas práticas de manejo, mas em ambientes distintos. Além disso, a média geral da espessura da epiderme de todos os genótipos foi maior em Videira na primeira safra, enquanto na segunda safra foi maior em Curitibaanos (Tabela 5).

Tabela 5. Espessura da epiderme das bagas, safras 2020/2021 e 2021/2022 coletadas de vinhedos de Videira (840 manm) e Curitibaanos (1110 manm).

Variedade	SPsk - Berry skin thickness (µm) 2020/21			SPsk - Berry skin thickness (µm) 2021/22		
	VID	CUR	Média	VID	CUR	Média
Bronner	264,0 a E	156,5 b E	210,2 E	155,6 b F	175,0 a F	165,5 E
Calardis Blanc	182,8 a G	155,6 b E	169,2 G	169,1 b EF	203,9 a E	187,0 D
Felicia	293,3 a C	161,9 b E	227,6 D	149,5 b F	283,5 a C	216,5 C
Helios	271,0 a DE	179,9 b D	225,4 D	153,0 b F	246,9 a D	200,0 CD
Prior	280,9 a D	222,8 b C	251,9 C	180,6 a E	152,0 b F	166,2 E
Regent	215,0 a F	155,8 b E	185,5 F	204,0 b D	354,0 a A	278,9 B
Sauvignon Blanc	317,0 a B	256,0 b A	292,8 B	275,0 b B	311,0 a B	289,6 B
Souvignier Gris	372,0 a A	238,1 b B	305,0 A	377,2 a A	239,5 b D	308,3 A
PI 4407	212,0 b F	258,0 a A	223,1 D	136,5 b G	280,0 a C	172,0 E
Poloskei						
Muskotaly.	311,1 a B	270,1 b A	294,7 B	242,0 a C	155,0 b F	207,6 C
Média	271,9 a	197,0 b		204,3 b	237,6 a	

Médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na coluna e médias seguidas de mesmas letras minúsculas na linha, não são estatisticamente diferentes pelo teste SNK 5%. ND – Não disponível.

7.3.3 Avaliação da severidade da podridão da uva madura (%)

A severidade é expressa como o percentual de infecção nas bagas, revelando a suscetibilidade das variedades à doença. Na safra 2020/2021, a Sauvignon Blanc apresentou uma severidade relativamente baixa em Videira (34%), enquanto em Curitibaanos foi maior (40%), sugerindo que as condições climáticas em Curitibaanos favoreceram uma maior incidência da doença (Tabela 6). Na safra 2021/2022, a severidade aumentou ainda mais em Curitibaanos (62%), mas diminuiu em Videira (26%), destacando a influência das condições sazonais na suscetibilidade. A variedade Regent apresentou uma severidade de 15% em 2020/2021 tanto em Videira quanto em Curitibaanos, sugerindo uma resistência moderada à

podridão. Em 2021/2022, a severidade aumentou em Curitibanos (21%), indicando piora nas condições de resistência ou um ambiente mais favorável à doença (Tabela 6).

Tabela 6. Percentagem de Severidade (%) da podridão da uva madura de diferentes variedades de videiras avaliadas em Videira (VID) e Curitibanos (CUR) nos anos de 2020/2021 e 2021/2022.

Variedade	Severidade (%) ¹			
	VID/2020/21	VID/2021/22	CUR/2020/21	CUR/2021/22
Bronner	14 a C *	7 a CD *	31 a C *	18 b B *
Calardis Blanc	4 a D *	4 a D *	12 a D *	10 a C *
Felicia	22 a B *	16 a B	30 a C *	19 b B
Helios	19 a B *	16 a B	64 a A *	20 b B
Prior	7 a CD *	7 a CD *	14 a D *	19 a B *
Regent	15 a C	7 a CD *	15 b D	21 a B *
Sauvignon Blanc	34 a A *	26 a A	40 b B *	62 a A
Souvignier Gris	12 a C	11 a C *	12 a D	5 b D *
<i>V. shuttleworthii</i> PI 4407	NA	3 ⁽²⁾	5 ⁽²⁾	NA
Poloskei Muskotaly	NA	NA	NA	NA
CV (%)	42,0		18,1	

¹Dados transformados por $\sqrt{x}$. ⁽²⁾ valor médio, não utilizado na ANOVA. NA: não apresentou sintoma.

Médias seguidas de mesmas letras minúsculas na coluna e médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na linha, não são estatisticamente diferentes pelo teste SNK ($p < 0,05$). O asterisco (*) indica diferença (teste F) entre as localidades dentro do mesmo ano.

Na safra 2020/2021, a variedade Helios apresentou uma severidade muito alta de podridão, especialmente em Curitibanos, onde atingiu 64%, sugerindo alta suscetibilidade à doença. Em 2021/2022, a severidade foi reduzida para 20%, mas Helios continuou entre as mais suscetíveis em ambas as localidades. A variedade Felicia mostrou severidade intermediária na safra 2020/2021, com 22% em Videira e 30% em Curitibanos, indicando suscetibilidade moderada. Na safra 2021/2022, a severidade aumentou ligeiramente para 19% em Curitibanos, enquanto diminuiu para 16% em Videira. A Souvignier Gris apresentou uma severidade muito baixa em 2020/2021, com 12% em ambas as localidades, indicando alta resistência à podridão. Em 2021/2022, a severidade permaneceu baixa em Curitibanos (5%), reforçando a consistência da resistência dessa variedade. A variação na severidade entre Videira e Curitibanos reflete as diferenças nas condições ambientais, como altitude, umidade e temperatura. Curitibanos, com maior altitude e temperaturas mais amenas, pode favorecer o desenvolvimento de fungos, especialmente em variedades suscetíveis como Helios e Sauvignon Blanc. Em contraste, as condições em Videira parecem reduzir a incidência de podridão em variedades como Souvignier Gris e Felicia, que mantiveram baixos níveis de severidade.

Variedades como Sauvignier Gris demonstraram resistência significativa à podridão da uva madura em ambas as localidades e safras, com baixíssimos valores de severidade. Essa resistência pode estar associada à espessura da epiderme e à sua composição química, que proporcionam uma barreira física e bioquímica mais eficaz contra infecções. Em contraste, variedades como Helios e Sauvignon Blanc apresentaram alta suscetibilidade à podridão, especialmente em Curitibanos, onde as condições parecem ser mais favoráveis ao desenvolvimento da doença. A severidade variou significativamente entre as safras de 2020/21 e 2021/22, sugerindo que as condições sazonais, como precipitação, temperatura e umidade relativa, influenciaram fortemente o desenvolvimento da podridão. Em geral, a severidade foi maior na safra 2021/22. Sauvignier Gris mostrou-se resistente, enquanto Helios e Sauvignon Blanc foram mais suscetíveis à doença, especialmente em condições mais favoráveis à infecção, como em Curitibanos.

As bagas de uva da variedade *V. shuttleworthii* PI 4407 estavam assintomáticas no momento da colheita, assim como as da variedade Poloskei Muskotaly na safra 2019/2020. Entre as variedades com sintomas de podridão, Poloskei Muskotaly e Calardis Blanc mostraram os menores níveis de severidade. De modo geral, a maior severidade da podridão da uva madura ocorreu em Curitibanos, onde as variedades Sauvignon Blanc e Helios foram as mais suscetíveis, com Sauvignon Blanc também sendo a mais suscetível em Videira. Na safra 2020/21, em Videira (840 metros de altitude), PI 4407 e Poloskei Muskotaly não apresentaram sintomas de doença, sendo consideradas as mais resistentes. Entre as variedades com sintomas, Calardis Blanc foi a mais resistente, enquanto Sauvignon Blanc foi a mais suscetível. Em Curitibanos (1110 metros de altitude), PI 4407 apresentou sintomas de podridão, mas foi a mais resistente, enquanto Helios foi a mais suscetível. Na safra seguinte (2021/22), em Videira, Poloskei Muskotaly não apresentou sintomas, e *V. shuttleworthii* PI 4407 foi a mais resistente, enquanto Sauvignon Blanc foi a mais suscetível. Em Curitibanos, PI 4407 e Poloskei Muskotaly não apresentaram sintomas, com Sauvignier Gris sendo a mais resistente e Regent a mais suscetível.

7.3.4 Maturação Tecnológica: Teores de Sólidos Solúveis Totais, Acidez Total Titulável e pH

As características do mosto (suco extraído das uvas), na safra 2020/2021, em termos de °Brix (teor de açúcar), acidez (meq/L) e pH são essenciais para avaliar a qualidade das uvas destinadas à vinificação, já que o teor de açúcar e a acidez são determinantes na produção de vinhos de boa qualidade. A variedade Bronner apresentou °Brix de 16,3 em Videira e 14,7 em

Curitibanos, acumulando uma quantidade moderada de açúcar em ambas as localidades, o que pode resultar em vinhos com teor alcoólico médio (Tabela 7). A acidez foi alta nos dois ambientes de cultivo, com 96,0 meq/L em Videira e 100,0 meq/L em Curitibanos, o que favorece vinhos frescos e com potencial de envelhecimento. O pH foi semelhante, com 3,5 em Videira e 3,3 em Curitibanos, indicando boa estabilidade ácida. A variedade Calardis Blanc apresentou °Brix de 15,5 em Curitibanos, significativamente mais alto do que em Videira (13,0), sugerindo que as condições de Curitibanos favorecem maior concentração de açúcar. Houve variação significativa no pH entre as localidades, com 3,3 em Videira e 3,6 em Curitibanos, sugerindo que a variedade responde de forma diferente às condições ambientais, afetando o equilíbrio ácido do mosto.

Tabela 7. BRIX, Acidez e pH mosto de diferentes variedades de uva cultivadas em Videira (VID) e em Curitibanos (CUR) em 2020/2021.

Variedade	°BRIX		Acidez		pH	
	VID	CUR	VID	CUR	VID	CUR
Bronner	16,3 a B	14,7 b C	96,0 b A	100,0 a B	3,5 a C	3,3 b B
Calardis Blanc	13,0 b D	15,5 a AB	90,3 a B	89,6 b E	3,5 a C	3,3 b B
Felicia	16,0 a B	12,8 b E	86,5 b D	93,3 a C	3,7 a B	3,4 b A
Helios	15,0 a C	13,5 b D	89,7 b C	91,3 a D	3,4 a D	3,2 b C
Prior	16,0 a B	15,3 b BC	84,9 b E	100,4 a A	3,4 a D	3,2 b C
Regent	17,0 a A	16,0 b A	77,1 a F	75,8 b F	3,8 a A	3,4 b A
Sauvignon Blanc	21,6*	NA	77,2*	NA	3,6*	NA
Souvignier Gris	16,6*	NA	81,5*	NA	3,7*	NA
PI 4407	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Poloskei Muskotaly.	NA	NA	NA	NA	NA	NA
CV(%)	2,9		0,1		0,8	

Médias seguidas de mesmas letras minúsculas na coluna e médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na linha, não são estatisticamente diferentes pelo teste SNK ($p < 0,05$). NA (não avaliado) *valor médio, não utilizado na ANOVA.

Na safra 2020/2021, a variedade Helios apresentou valores de acidez relativamente elevados, com 91,3 meq/L em Videira e 93,4 meq/L em Curitibanos, indicando que essa variedade mantém um perfil de acidez alta independentemente da localidade. O teor de açúcar, medido em °Brix, é um dos principais indicadores da maturação das uvas e do potencial alcoólico do vinho. Variedades como Sauvignon Blanc e Souvignier Gris apresentaram valores mais altos de °Brix, indicando uvas mais maduras, com maior potencial para produzir vinhos de maior teor alcoólico. Em regiões de maior altitude, como Curitibanos, o processo de

maturação é mais lento devido às temperaturas mais baixas, resultando em uvas com menor teor de açúcar.

A acidez e o pH do mosto são cruciais para a qualidade do vinho, influenciando sua frescura, longevidade e equilíbrio. Variedades como Bronner e Helios, que apresentam acidez mais alta, são ideais para vinhos frescos e equilibrados. Em contraste, Sauvignon Blanc em Videira, com menor acidez e maior pH, pode produzir vinhos com notas mais suaves e menos vivacidade. A relação entre acidez e pH é importante para prever o comportamento do vinho durante o envelhecimento. Um pH mais alto, como o observado em Helios em Videira, pode tornar o vinho mais suscetível à oxidação e deterioração microbiológica, enquanto pHs mais baixos garantem maior estabilidade.

As diferenças entre os ambientes de cultivo de Videira e Curitiba nos na safra 2020/2021 refletem a influência das condições climáticas e da altitude. Em Curitiba, as temperaturas mais baixas e a maior altitude resultaram em uvas com menor teor de açúcar e maior acidez, como observado nas variedades Bronner e Calardis Blanc. Em Videira, as condições mais quentes permitiram uma maturação mais rápida, o que resultou em uvas com maior teor de açúcar e menor acidez, especialmente nas variedades Sauvignon Blanc e Helios.

Na safra de 2021/2022, a variedade Souvignier Gris apresentou o maior teor de açúcar em Videira, com 25,8 °Brix, indicando uma maturação avançada e um potencial para produção de vinhos com alto teor alcoólico. Em Curitiba, o teor de açúcar foi de 22,3 °Brix, refletindo as condições de maior altitude e temperaturas mais baixas, que resultam em uma maturação mais lenta. A acidez foi elevada em Videira (95,4 meq/L), contribuindo para a produção de vinhos com boa frescura e potencial para envelhecimento. Em Curitiba, a acidez foi ainda maior (121,4 meq/L), influenciada pelas condições climáticas mais frias dessa localidade. O pH da Souvignier Gris foi de 3,4 em Videira e 3,2 em Curitiba, indicando uma boa estabilidade ácida, favorável para vinhos que requerem longevidade e equilíbrio entre acidez e doçura.

A variedade Regent apresentou, na safra 2021/2022, um °Brix de 22,7 em Videira e 20,7 em Curitiba, mostrando boa maturação em ambas as localidades, com maior acúmulo de açúcar em Videira (Tabela 8). O pH foi de 3,6 em Videira e 3,4 em Curitiba, refletindo um equilíbrio ácido adequado para vinhos estruturados. As variedades Calardis Blanc e Poloskei Muskotaly tiveram os menores valores de °Brix, com 12,2 em ambas as localidades, indicando menor concentração de açúcar em comparação com outras variedades. A variedade PI 4407 manteve uma acidez alta, com 227,8 meq/L em Videira e Curitiba, o que pode resultar em vinhos mais frescos e ácidos. Por outro lado, Helios apresentou a menor acidez, com 91,2 meq/L em Videira e 87,4 meq/L em Curitiba. Na Sauvignon Blanc, o pH foi ligeiramente mais alto

em Videira (3,4), indicando uma maturação mais completa e menor acidez relativa, enquanto em Curitiba o pH foi de 3,3, sugerindo maior acidez. O °Brix, que indica o potencial alcoólico do vinho, foi mais elevado em variedades como Sauvignier Gris e Regent, especialmente em Videira, onde as condições climáticas favorecem maior acúmulo de açúcar. Em Curitiba, a menor concentração de açúcar e a maior acidez refletem uma maturação mais lenta, influenciada pela altitude e temperaturas mais amenas. Na safra de 2021/2022, PI 4407 e Poloskei Muskotaly apresentaram os menores valores de °Brix em ambas as cidades, enquanto Sauvignier Gris teve os maiores valores. Em relação à acidez total, PI 4407 e Poloskei Muskotaly tiveram os maiores valores, e Helios a menor acidez. Não houve diferença significativa no pH entre as variedades (Tabela 8).

Tabela 8. °Brix, Acidez e pH do mosto de diferentes variedades de uva cultivadas em Videira (VID) e Curitiba (CUR) em 2021/2022.

Variedade	°BRIX		Acidez		pH	
	VID	CUR	VID	CUR	VID	CUR
Bronner	21,6 a C	19,2 b	94,1 a D	88,8 b E	3,2 a C	3,1 a C
Calardis Blanc	12,2 a F	12,2 a	105,4 a B	105,4 a C	3,4 a B	3,4 a A
Felicia	19,1 a E	17,0 b	82,4 b F	96,9 a D	3,1 a C	3,2 a B
Helios	20,8 a D	17,3 b	91,2 a E	87,4 b F	3,1 b C	3,3 a B
Prior	22,1*	NA	92,9*	NA	3,5 *	NA
Regent	22,7 a B	20,7 b	71,9 b G	86,6 a G	3,6 a A	3,4 b A
Sauvignon Blanc	22,9*	NA	102,4*	NA	3,4*	NA
Sauvignier Gris	25,8 a A	22,3 b	95,4 b C	121,4 a B	3,4 a B	3,2 b B
PI 4407	9,8 a G	9,8 a	227,8 a A	227,8 a A	2,6 a D	2,6 a D
Poloskei Muskotaly.	12,2 a F	12,2 a	105,4 a B	105,4 a C	3,4 a B	3,1 b C
CV(%)	1,0		0,1		1,3	

Médias seguidas de mesmas letras minúsculas na coluna e médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na linha, não são estatisticamente diferentes pelo teste SNK ($p < 0,05$).

NA (não avaliado) *valor médio, não utilizado na ANOVA.

Os sólidos solúveis, a acidez total e o pH não apresentaram associação significativa com a ocorrência da podridão da uva madura. A espessura da epiderme também não foi associada à severidade da podridão, enquanto a textura e a força necessária para romper a epiderme e a baga da uva demonstraram correlação.

7.3.5 Avaliações físicas

No Índice de Compactação (IC), houve significância nas interações entre tratamentos e safras, bem como entre tratamentos e entre ambientes de cultivo. As variedades PI4407, Sauvignier Gris e Sauvignon Blanc apresentaram os menores valores de IC em Videira e Curitiba, indicando bagas menos densas e possivelmente mais resistentes a danos. Em termos de safras, a variedade PI4407 teve o menor IC em ambas as safras, enquanto Sauvignon Blanc (2020/21) e Regent (2021/22) apresentaram os maiores valores. A Tabela 9, que apresenta o Índice de Compactação das bagas de diferentes variedades coletadas em Videira e Curitiba em 2021 e 2022, destaca que o IC é uma medida importante para avaliar a densidade e firmeza das bagas, o que influencia a resistência a danos físicos, a qualidade do mosto e a susceptibilidade a doenças, como a podridão da uva madura.

Tabela 9. Índice de compactação (IC) das bagas de diferentes variedades coletadas em vinhedos de Videira 840 manm (VID) e Curitiba 1110 manm (CUR) em diferentes safras

Variedade	IC		IC	
	VID	CUR	2020/21	2021/22
Bronner	0,77 a B	0,80 a B	0,96 a A	0,62 b CDE
Calardis Blanc	0,42 a D	0,53 a C	0,41 a B	0,55 a CDE
Felicia	0,71 a BC	0,45 b C	0,51 a B	0,65 a CDE
Helios	0,74 a BC	0,54 b C	0,50 b B	0,78 a C
Prior	0,79 a B	0,68 a BC	0,50 b B	1,00 a B
Regent	1,29 a A	1,09 b A	0,62 b B	1,76 a A
Sauvignon Blanc	0,56 BCD	0,86 B	1,01 a A	0,41 b E
Souvignier Gris	0,53 BCD	0,53 a C	0,35 b B	0,71 a CD
<i>V. shuttleworthii</i> PI 4407	0,01 a E	0,04 a D	0,02 a C	0,03 a F
Poloskei Muskotaly.	0,48 a CD	0,53 a C	0,53 a B	0,47 a DE
CV (%)	34,9		34,9	

Médias seguidas de mesmas letras minúsculas na coluna (local e safras) e médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na linha (variedades), não são estatisticamente diferentes pelo teste SNK ($p < 0,05$).

Na análise do Índice de Compactação (IC), a variedade Regent apresentou os maiores valores em Videira, com 1,29 e 1,76 nas safras de 2020/21, indicando bagas mais densas e compactas, possivelmente mais resistentes a danos físicos. Em Curitiba, o IC foi menor, sugerindo que as condições climáticas dessa localidade resultaram em bagas menos compactas. A variedade Sauvignon Blanc apresentou IC moderado em Videira (0,56 em 2021 e 0,41 em 2022), indicando bagas menos densas, possivelmente mais suscetíveis a danos. Em Curitiba, o IC foi mais alto (0,86 em 2021), sugerindo bagas mais compactas devido ao clima mais frio.

e ao crescimento mais lento. Para a variedade Bronner, o IC foi de 0,77 em 2021 e 0,62 em 2022 em Videira, e ligeiramente mais alto em Curitiba, sugerindo bagas ligeiramente mais densas nessa localidade. A variedade Helios apresentou IC de 0,74 em 2021 e 0,78 em 2022 em Videira, indicando bagas densas e firmes. Em Curitiba, o IC foi mais baixo (0,54), sugerindo bagas menos compactas e possivelmente mais vulneráveis a danos. Poloskei Muskotaly apresentou valores consistentes de IC (0,48 a 0,53) em ambas as localidades, indicando uma densidade média das bagas.

Regent apresentou os cachos de menor tamanho em ambos os ambientes de cultivo, enquanto Poloskei Muskotaly teve cachos maiores. Ao comparar as safras, não houve diferença significativa entre os tamanhos dos cachos (Tabela 10). Em Videira, o tamanho dos cachos foi de 15,3 cm em 2021 e 16,1 cm em 2022 para a variedade Felicia, indicando um alto potencial produtivo. Em Curitiba, o tamanho foi ainda maior (18,9 cm), sugerindo que a altitude mais elevada favorece o desenvolvimento dos cachos. A variedade Helios teve tamanhos de cacho moderados em ambas as localidades, com uma boa regularidade no desenvolvimento entre os anos e localidades. A variedade Regent apresentou cachos menores, com 9,6 cm em Videira e 10,9 cm em Curitiba, sugerindo que as condições de Curitiba favoreceram um ligeiro aumento no tamanho dos cachos.

Tabela 10. Tamanho do cacho (cm) de diferentes variedades coletadas em vinhedos de Videira (VID) e Curitiba (CUR) em diferentes safras.

Variedade	Tamanho do cacho (cm)		Tamanho do cacho (cm)	
	VID	CUR	2020/2021	2021/2022
Bronner	12,6 a AB	12,8 a CD	11,4 b CD	14,0 a ABC
Calardis Blanc	13,4 a AB	11,8 a D	14,2 a BC	13,3 b BCD
Felicia	15,3 b A	18,9 a A	18,1 a A	16,1 a AB
Helios	11,8 a BC	12,6 a CD	13,4 a BC	11,0 b D
Prior	12,9 AB	12,9 a CD	13,1 a BC	12,7 a CD
Regent	9,6 a C	10,9 a D	13,5 a BC	7,0 b E
Sauvignon Blanc	12,1 a BC	10,7 a D	9,5 b D	13,3 a BCD
Souvignier Gris	15,6 a A	16,8 a AB	15,5 a B	16,8 a A
<i>V. shuttleworthii</i> PI 4407	15,4 a A	15,0 a BC	15,3 a B	15,1 a ABC
Poloskei Muskotaly	14,0 a AB	13,7 a CD	12,9 a BC	15,0 a ABC
CV (%)	18,1		18,1	

Médias seguidas de mesmas letras minúsculas na coluna (locais e safras) e médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na linha (variedades), não são estatisticamente diferentes pelo teste SNK ($p < 0,05$).

A variedade Souvignier Gris em Videira apresentou cachos com 15,6 cm em 2021, indicando potencial produtivo elevado, com cachos relativamente grandes e consistentes. Em

Curitibanos, o tamanho dos cachos foi semelhante, com 16,8 cm, sugerindo que essa variedade mantém um bom desempenho em diferentes condições ambientais. A variedade Poloskei Muskotaly mostrou cachos de 14,0 cm em 2021 e 15,0 cm em 2022 em Videira, com resultados semelhantes em Curitibanos (13,7 cm e 15,3 cm). Isso indica uma boa capacidade produtiva e adaptação a ambas as localidades. O tamanho do cacho é um indicador direto do potencial produtivo. Variedades como Felicia, que apresenta cachos maiores, tendem a ter maior rendimento por planta, o que é vantajoso para a produção comercial. Contudo, cachos maiores podem ter menor concentração de açúcar e compostos aromáticos, como observado em Felicia com menor teor de °Brix. Variedades como Regent, com cachos menores, podem ter menor rendimento, mas potencial para vinhos de maior concentração de açúcares e compostos fenólicos.

A variedade Felicia teve o maior peso de cacho em 2020/21, com 169,0 g, o que sugere alta produtividade, valores similares aos da safra 2021/22 (Tabela 11). Prior teve um aumento significativo no peso dos cachos da primeira para a segunda safra (de 84,0 g para 147,1 g), indicando melhor rendimento em 2021/22. Bronner também apresentou aumento no peso dos cachos, de 109,4 g em 2020/21 para 139,8 g em 2021/22, demonstrando consistência produtiva. Sauvignier Gris teve um peso de cacho relativamente baixo em 2020/21 (81,4 g), mas em 2021/22 o peso aumentou para 195,8 g, tornando-se a variedade com maior peso de cacho nesta safra. A Sauvignon Blanc teve uma leve queda na produtividade, com o peso dos cachos diminuindo de 91,4 g em 2020/21 para 85,1 g em 2021/22. A variedade *V. shuttleworthii* PI 4407 apresentou o menor peso de cacho, com apenas 2,1 g em 2020/21 e 8,4 g em 2021/22, indicando um rendimento muito limitado. O peso dos cachos reflete o rendimento produtivo, com Felicia e Bronner apresentando os maiores pesos, e PI 4407 o menor rendimento, independentemente da safra.

Tabela 11. Peso do cacho (gramas) de diferentes variedades cultivadas em diferentes safras.

Variedade	Peso do cacho (g)	
	2020/21	2021/22
Bronner	109,4 b B	139,8 a C
Calardis Blanc	100,5 a B	65,6 b E
Felicia	169,0 a A	169,00 a B
Helios	92,1 a B	93,9 a D
Prior	84,0 b B	147,1 a BC
Regent	109,7 a B	101,2 a D
Sauvignon Blanc	91,4 a B	85,1 a DE

Souvignier Gris	81,4 b B	195,8 a A
<i>V. shuttleworthii</i> PI 4407	2,1 a C	8,4 a F
Poloskei Muskotaly.	101,9 a B	102,1 a D
CV(%)	24,6	

Médias seguidas de mesmas letras minúsculas na coluna e médias seguidas de mesmas letras maiúsculas na linha, não são estatisticamente diferentes pelo teste SNK ($p < 0,05$).

Felicia e Souvignier Gris mostraram um aumento significativo no peso dos cachos entre as safras 2020/21 e 2021/22, o que pode ser resultado de melhorias no manejo ou condições climáticas favoráveis durante o ciclo de crescimento. Já Sauvignon Blanc apresentou uma leve queda no peso dos cachos entre as safras, possivelmente devido a variações sazonais nas condições ambientais que afetaram o desenvolvimento dos frutos. O peso do cacho pode influenciar a concentração de açúcar e outros compostos importantes para a vinificação. Variedades com cachos maiores, como Felicia e Souvignier Gris, tendem a produzir vinhos com maior rendimento, mas é essencial monitorar a concentração de açúcares para garantir que a qualidade do mosto não seja diluída. Variedades com cachos menores, como Regent e Helios, podem produzir vinhos mais concentrados e complexos, especialmente se acompanhadas por uma maior concentração de açúcares e compostos fenólicos.

7.3.6 Análise de Componentes Principais (PCA)

A Análise de Componentes Principais (PCA) é uma análise estatística utilizada para reduzir a dimensionalidade dos dados, preservando o máximo possível da variância original. Assim, o resultado da PCA que inclui características como WSK, FSK, peso do cacho, tamanho do cacho, acidez, severidade da podridão da uva madura, °Brix, pH e índice de compactação do cacho está na Figura 3. O PC 1 explica a maior parte da variância (34,1%) dos dados, capturando a maior quantidade da variação. Neste eixo, peso do cacho (PC), °Brix (SST), força (FSK) e energia (WSK) para romper a baga e índice de compactação (IC) estão fortemente correlacionados entre si. O PC 2 contempla as características severidade da podridão da uva madura (Severidade), pH e acidez, importantes para identificar variedades mais suscetíveis ou resistentes a doenças. Juntas, essas duas componentes explicam 53,5% da variância total dos dados, permitindo uma boa diferenciação entre as características das variedades e localidades.

No quadrante de baixo à esquerda estão as características peso do cacho, índice de compactação e °Brix, positivamente correlacionadas entre si, propensas a influenciar na suscetibilidade à podridão da uva madura. Em contrapartida, acidez e tamanho do cacho estão inversamente correlacionados com peso do cacho, compactação e °Brix, sugerindo que essas características do quadrante acima e à direita podem conferir maior resistência a patógenos e

produzir vinhos com frescura e estabilidade ácida. Contudo, a severidade da podridão da uva madura está isoladamente no quadrante acima e à esquerda. Sua determinação é principalmente dependente das variedades testadas e das características pH, peso do cacho, índice de compactação e °Brix.

O peso do cacho, °Brix e FSK/WSK estão fortemente correlacionados e agrupados no quadrante positivo da PCA 1, indicando que variedades com maior peso de cacho tendem a ter maior concentração de açúcar (°Brix) e requerem mais força e energia para romper a baga, como observado na variedade Poloskei Muskotaly. Variedades com maior peso de cacho tendem a ter também maior compactação, maiores valores de °Brix (indicando maior acúmulo de açúcar) e valores de pH mais altos. A forte correlação entre compactação e peso do cacho decorre do fato de que cachos maiores e mais pesados tendem a ser mais compactos. A correlação positiva com o °Brix sugere que essas variedades acumulam mais açúcar, o que impacta o potencial alcoólico do vinho. A severidade de doenças está na mesma direção do peso do cacho e da compactação, sugerindo uma correlação positiva com essas características. Isso pode indicar que variedades com cachos maiores e mais densos tendem a ser mais suscetíveis à podridão da uva madura, provavelmente devido à criação de microambientes favoráveis ao crescimento de patógenos.

Por outro lado, acidez e tamanho do cacho estão negativamente correlacionados com características como peso do cacho e °Brix PC 1. Isso sugere que variedades com cachos maiores têm maior acidez e menor acúmulo de açúcar, produzindo vinhos mais frescos e com menor teor alcoólico. O posicionamento da acidez na parte negativa do gráfico também indica que variedades com maior acidez tendem a ter menor pH, como esperado, já que essas características são inversamente correlacionadas.

A severidade da doença e a acidez estão correlacionadas, sugerindo que variedades com maior acidez tendem a ser mais suscetíveis à podridão. Por exemplo, a variedade Felicia apresenta forte correlação com severidade e acidez, o que indica que essa variedade pode ser mais suscetível a doenças em condições de alta acidez. O pH está positivamente correlacionado com compactação e peso do cacho, sugerindo que variedades com cachos mais compactos tendem a ter pH mais elevado e menor acidez, como *Souvignier Gris*, que apresenta alta compactação e pH elevado, resultando em cachos menos suscetíveis à podridão e vinhos mais suaves.

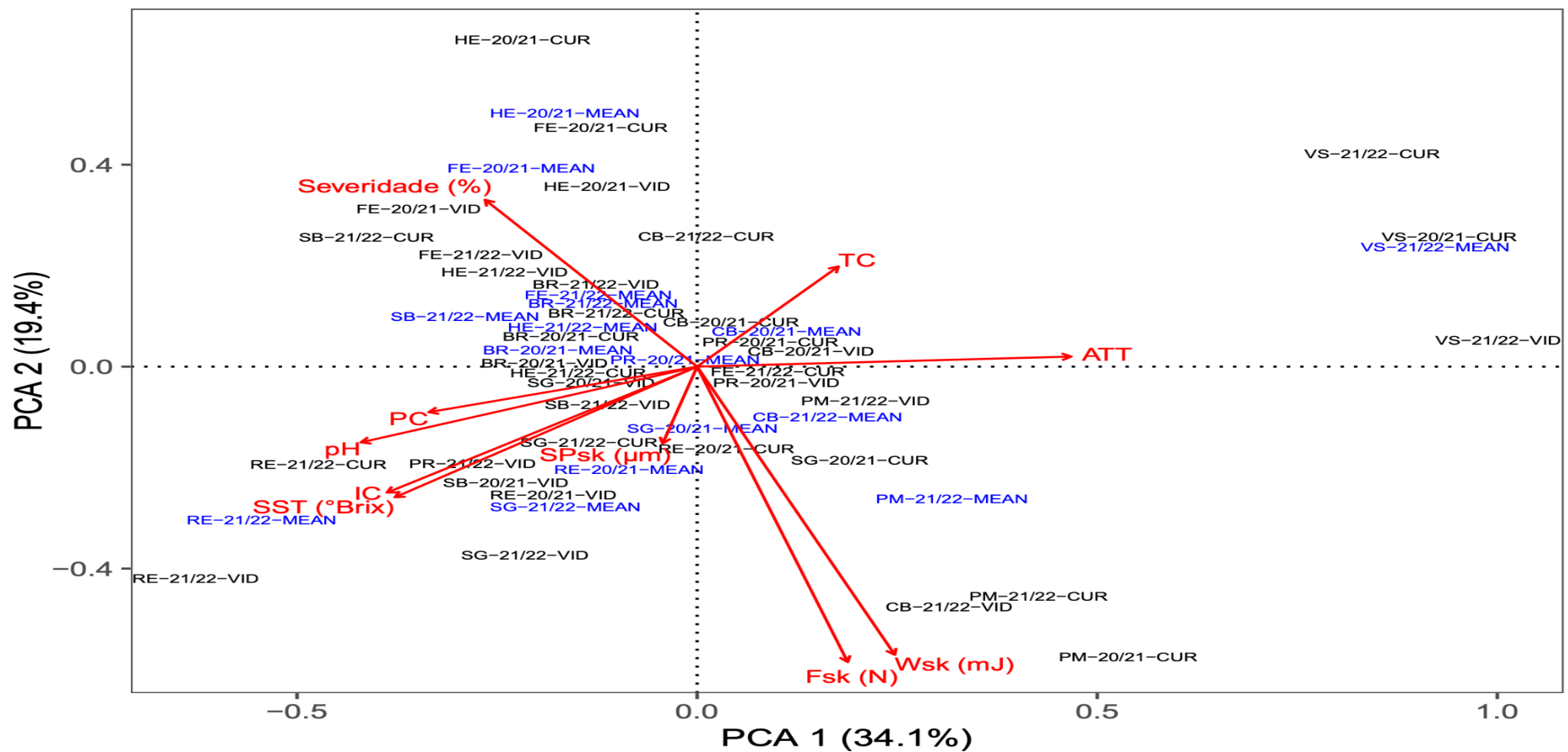


Figura 4. Análise de Componentes Principais (PCA), das avaliações fenotípicas e do mosto realizadas em diferentes variedades cultivadas em Curitiba (CUR) e em Videira (VID), safras 2019/2020 e 2020/2021. Legenda: SST - Sólidos solúveis totais, IC - Índice de Compactação, ATT - acidez total titulável, Wsk (mJ) - mede a área abaixo da curva de deformação entre os valores de força 0, Fsk - força máxima para a penetração da sonda na baga (N), Spks - Espessura da epiderme de bagas, BR - Bronner, CB - Calardis Blanc, FE - Felicia, HE - Helios, RE - Regent, PR - Prior, PM - Poloskei Muskotaly, SB - Sauvignon Blanc, SG - Souvignier Gris, VS - *V. shuttleworthii* PI 4407.

As variedades cultivadas em Curitiba (CUR), como *V. Silvestre* (VS) e Helios (HE), estão mais associadas a componentes relacionados à força e energia mecânica para romper a baga, enquanto em Videira (VID), há uma maior variação em termos de acidez e peso do cacho. As condições ambientais entre as duas cidades influenciam o comportamento das variedades. Por exemplo, o °Brix, que mede o teor de açúcar, está mais associado às uvas cultivadas em Videira, sugerindo que estas acumulam mais açúcar em comparação com as de Curitiba.

A correlação entre peso do cacho, força e energia para romper a baga indica que variedades com cachos maiores e mais compactos possuem bagas mais resistentes, o que é vantajoso para reduzir perdas durante a colheita e transporte. Variedades como Poloskei Muskotaly (PM) e Sauvignon Gris (SG) têm essas características, tornando-as adequadas para regiões com maior risco de danos mecânicos.

A severidade da podridão da uva madura está correlacionada com acidez, indicando que condições de alta acidez podem favorecer o desenvolvimento de patógenos. Variedades como Felicia (FE), que apresentam alta severidade e acidez, podem exigir estratégias específicas de manejo para minimizar a podridão. A relação entre acidez e doenças ressalta a importância de monitorar o equilíbrio de nutrientes e implementar práticas de controle fitossanitário nas variedades mais suscetíveis.

As diferenças observadas entre Curitiba e Videira refletem a influência do clima e da altitude. Em Videira, as variedades tendem a acumular mais açúcar e ter maior peso do cacho, enquanto em Curitiba as uvas são mais resistentes mecanicamente, mas apresentam menor acúmulo de açúcar e maior acidez. Essas diferenças regionais sugerem a necessidade de ajustar as práticas de manejo, como poda, irrigação e controle de doenças, de acordo com as condições locais para maximizar o rendimento e a qualidade.

7.3.7 Categorias de susceptibilidade

As categorias de susceptibilidade das variedades de videira à podridão da uva madura estão na Tabela 12. As variedades cultivadas em Videira (840 manm) e Curitiba (1110 manm) durante as safras de 2020/2021 e 2021/2022 foram categorizadas quanto a sua susceptibilidade à podridão da uva madura. As classificações variaram de Altamente Resistente (AR) a Altamente Suscetível (AS). Em Curitiba, em 2020, as variedades Felicia e Bronner foram classificadas como suscetíveis (S). Helios e Sauvignon Blanc foram altamente suscetíveis (AS). Em 2021, a PI4407 também foi considerada resistente (R), com Sauvignon Blanc permanecendo como altamente suscetível. Em Videira, em 2020, Felicia, Helios e Sauvignon Blanc foram altamente suscetíveis (AS). Em 2021, essas classificações

permaneceram praticamente inalteradas, com Souvignier Gris sendo classificada como suscetível (S).

Tabela 12. Classificação de categorias de susceptibilidade de variedades de videira à podridão da uva madura cultivadas em Videira (840 manm) e Curitibaanos (1110 manm) durante as safras 2020/2021 e 2021/2022.

Variedade	Videira		Curitibaanos	
	2020/2	2021/22	2020/21	2021/22
	1			
Bronner	S	S	S	S
Calardis Blanc		I	I	I
Felicia	AS	AS	S	S
Helios	AS	AS	AS	S
Prior	I	S	I	S
Regent	S	S	I	S
Sauvignon Blanc	AS	AS	AS	AS
Souvignier Gris	S	S	I	R
<i>V. shuttleworthii</i> PI 4407		I		R
Poloskei Muskotaly				

AR - altamente resistente, R - Resistente, I - Intermediário, S - Suscetível, AS - Altamente Suscetível

As variedades Felicia, Helios e Sauvignon Blanc se destacam por serem altamente suscetíveis à podridão da uva madura em ambas as localidades (Videira e Curitibaanos) e em ambas as safras. Em 2021, a variedade PI4407 foi introduzida como resistente em Curitibaanos, sugerindo que ela pode ser uma opção viável para áreas com maior dificuldade de manejo fitossanitário. As semelhanças nas classificações de susceptibilidade entre as duas localidades indicam que a resistência genética tem um papel mais importante na susceptibilidade à podridão do que as condições ambientais específicas. No entanto, o ambiente ainda pode influenciar a severidade da doença, pois as variações climáticas entre Videira e Curitibaanos afetam o desenvolvimento da podridão.

7.4 DISCUSSÃO

7.4.1 Textura

A análise de textura é essencial para avaliar a qualidade da uva, fornecendo informações sobre suas propriedades mecânicas e seu potencial na vinificação (Rolle et al., 2012c). Características físicas como tamanho, firmeza e cor também são importantes indicadores de qualidade (Mascarenhas et al., 2013). O bagaço da uva, subproduto da vinificação, retém muitos compostos fenólicos e pode ser utilizado na produção de alimentos, como a farinha de uva em biscoitos, afetando suas propriedades sensoriais (de Moura Brasil et al., 2016; Poiani; Montanuci, 2019).

No presente estudo, a variedade como Sauvignier Gris requer alta força e energia para romper a epiderme, o que indica maior resistência da epiderme. No entanto, isso pode exigir ajustes no processo de vinificação para a extração eficiente de compostos fenólicos. Coombe e McCarthy (2000) discutiram a relação entre a resistência mecânica da epiderme e a qualidade final do vinho, enquanto Bisson et al. (2002) exploram a conexão entre a resistência da epiderme e a extração de taninos durante a vinificação. Vargas et al. (2001) compararam métodos para quantificar a firmeza dos frutos em uvas Thompson sem sementes, mostrando correlações entre a firmeza da polpa e a dos frutos intactos.

Comparações entre métodos de amostragem para avaliar a maturidade da uva Niagara Rosada, com a amostragem aleatória simples exigindo 27 bagas por área e a amostragem estratificada exigindo 30 bagas, conforme Araújo et al. (2009). Também menciona que o tratamento ultrassônico das uvas Isabel aumentou o teor de polifenóis em até 83%, melhorando as características sensoriais do suco, com maior preferência dos provadores, segundo Comarella et al. (2012). Além disso, a força (FSK) e a energia (WSK) necessárias para romper a baga são indicadas como parâmetros importantes para avaliar a resistência mecânica da epiderme das uvas, especialmente em termos de durabilidade e integridade durante o manuseio. Uma casca mais resistente pode evitar danos mecânicos, mas também pode influenciar o processo de fermentação.

No presente estudo, constatamos grande variação na espessura da epiderme da uva nas 10 variedades estudadas. A Sauvignier Gris teve a maior espessura de epiderme em duas safras, com médias de 305,0 μm em Videira, e 238,1 μm em Curitiba. No outro extremo, as variedades com a epiderme mais finas foram Calardis Blanc na primeira safra (172,0 μm) e Bronner, Prior e PI4407 na segunda safra, com espessuras entre 165,2 μm e 166,2 μm .

A resistência da casca das uvas pode ter um impacto direto na qualidade do vinho. Uvas com casca mais resistente são menos propensas a estourar durante a colheita e o processo de vinificação, o que ajuda a preservar a integridade do fruto e, conseqüentemente, melhora a qualidade do vinho. Jackson e Lombard (1993) destacam que as condições ambientais, como altitude e temperatura, influenciam significativamente a composição e as características físicas das uvas. Coombe e McCarthy (2000) discutem a influência da espessura e resistência da epiderme tanto na qualidade do vinho quanto na proteção contra doenças fúngicas.

7.4.2 Características físico-químicas do mosto

O pH das uvas é outro fator determinante, relacionado à acidez e ao equilíbrio do vinho, afetando sua estabilidade microbiológica. Variedades com pH mais baixo, como Regent, têm maior acidez, o que contribui para vinhos mais frescos e de maior longevidade. Uvas com maior pH, como Sauvignier Gris, tendem a produzir vinhos mais suaves. A acidez também influencia a resistência a doenças, uvas com alta acidez, como Helios, são menos suscetíveis à podridão da uva madura, enquanto uvas com menor acidez são mais vulneráveis, afetando a qualidade final do vinho. Estudos como os de Jackson e Lombard (1993) e Coombe e McCarthy (2000), discutem como a composição química das uvas, especialmente °Brix, pH e acidez, influencia o perfil final dos vinhos, destacando a importância do clima no acúmulo de açúcares e nas características sensoriais do vinho.

A desidratação osmótica de uvas Crimson Seedless foi otimizada com uma solução de 42°Brix, imersão de 1,6 horas e temperatura de 46°C, obtendo bons resultados (Porto, 2011). Estudos no Paraná revelaram variações no teor de açúcar e acidez entre diferentes cultivares, destacando que, apesar do potencial alcoólico adequado, a acidez pode ser insuficiente para garantir a estabilidade do vinho (Penso et al., 2014).

O °Brix é um indicador crucial da concentração de açúcares nas uvas, fundamental para determinar o potencial alcoólico dos vinhos. Fatores como a variedade da uva e as condições climáticas influenciam diretamente o valor de °Brix. Variedades com alto °Brix, como Sauvignon Blanc, têm maior concentração de açúcares, o que é desejável para vinhos com maior teor alcoólico. Regiões como Curitiba e Videira, com climas variados, influenciam o acúmulo de açúcares, e verões mais quentes geralmente produzem uvas com °Brix mais elevados.

7.4.3 Associação das características com a severidade da podridão da uva madura

Escalas diagramáticas são ferramentas valiosas para avaliar a severidade de doenças em videiras e frutas cítricas. Elas foram desenvolvidas e validadas para doenças como o míldio (Buffara et al., 2014), cancro bacteriano (Nascimento et al., 2005) e mancha preta em cítricos (Spósito et al., 2003). Esses estudos mostraram que as escalas aumentam a exatidão e precisão na estimativa da gravidade das doenças. O uso de escalas de cores mostrou-se mais preciso em comparação com as versões preto e branco (Buffara et al., 2014). Além disso, sistemas de alerta baseados em modelos climáticos foram desenvolvidos para orientar a aplicação de fungicidas, reduzindo o número de aplicações sem comprometer o controle da doença (Reis et al., 2013).

Shigematsu et al. (2018) estudaram a vida útil de uvas minimamente processadas revestidas com cera de abelha e alginato de sódio, observando maior firmeza após 21 dias de armazenamento. Porto (2011) otimizou a desidratação osmótica de uvas Crimson Seedless, ajustando parâmetros como temperatura e tempo para melhorar a estabilidade pós-colheita.

A radiação UV-C demonstrou eficácia na redução da infecção por *Colletotrichum gloeosporioides* em uvas 'Niagara Rosada' sem comprometer suas características físico-químicas (Cia et al., 2009). O uso de filtrado de *Curvularia inaequalis* antes da colheita melhorou a atividade antioxidante e o teor de polifenóis em uvas 'Isabel' (da Silva-Reis et al., 2024). Reguladores de crescimento vegetal, como o thidiazuron, quando aplicados a 5 mg L⁻¹, aumentaram a massa dos cachos e bagos de 'Niagara Rosada' sem alterar os sólidos solúveis ou a acidez (Botelho et al., 2004). Em áreas semiáridas, a cultivar 'Niágara Branca' teve o maior rendimento de passas, enquanto 'Benitaka' apresentou menor umidade e maiores sólidos solúveis. A análise sensorial destacou as passas das cultivares 'Vitória' e 'Benitaka' como as preferidas (Martineli et al., 2018). A Análise de Componentes Principais (PCA) tem sido amplamente utilizada para diferenciar produtos de uva com base em sua composição química, incluindo teor de açúcar, acidez, minerais e compostos fenólicos (Rizzon; Miele, 2012).

Análise de Componentes Principais (PCA) tem sido amplamente utilizada na análise de vinhos, fornecendo resultados semelhantes à Análise de Variantes Canônicas, especialmente em dados sensoriais de vinhos como Cabernet Sauvignon e Chardonnay. Para uvas de Vinho Verde tinto, a PCA provou ser eficaz na caracterização de diferentes variedades com base em perfis fenólicos, como antocianinas. Também foi usada para analisar sucos de uva e refrigerantes, revelando que o teor de sódio era um fator discriminante importante, junto com conservantes e sal mineral. A PCA é uma ferramenta valiosa para identificar as principais variáveis que influenciam o comportamento das variedades de uva sob diferentes condições de

cultivo. Ela mostrou correlação positiva entre força (FSK) e energia (WSK), além de severidade e peso do cacho. A correlação negativa entre severidade e acidez sugere que uvas mais ácidas são menos suscetíveis à podridão. Isso torna a PCA útil no melhoramento genético de videiras para resistência a doenças, sem comprometer a qualidade do vinho.

O manejo das doenças em vinhedos é fortemente influenciado por condições climáticas como alta precipitação, temperatura e umidade, que favorecem o desenvolvimento de doenças como míldio e podridão da uva madura. A resistência das variedades de uvas a patógenos como o *Colletotrichum* spp. foi avaliada, destacando que variedades como Sauvignon Blanc e Felicia são altamente suscetíveis e requerem maior controle fitossanitário, enquanto *V. shuttleworthii* PI4407 demonstra resistência. A severidade da podridão está diretamente ligada a condições climáticas úmidas, que favorecem o crescimento de fungos. A seleção genética é fundamental para aumentar a resistência das plantas a essas doenças.

As mudanças climáticas são esperadas para aumentar as áreas propícias à incidência de oídio no Brasil, o que demanda a adaptação de estratégias de manejo de doenças na viticultura. Em relação à suscetibilidade a pragas, cultivares de *Vitis labrusca* demonstraram resistência à *Drosophila suzukii*, enquanto variedades melhoradas mostraram maior suscetibilidade. Para a ferrugem da videira causada por *Phakopsora euvitidis*, porta-enxertos como IAC313 e IAC572 mostraram maior resistência. Híbridos de *V. labrusca* x *V. vinifera*, como 'Niagara Branca' e 'Niagara Rosada', apresentaram menor severidade da doença em comparação a variedades de *V. vinifera*. Entre as variedades sem sementes, 'BRS Clara' e 'Adona' exibiram maior resistência à trinca e podridão dos frutos, além de maior qualidade e potencial produtivo no Vale do São Francisco.

C. aenigma e *C. siamense*, pertencentes ao complexo de espécies *C. gloeosporioides*, foram identificados como agentes causadores da deformação de frutos em uvas Red Globe na Colômbia. Porta-enxertos como Ramsey e 110 Richter demonstraram maior tolerância a nematoides como *Tylenchulus semipenetrans* em comparação a outros porta-enxertos e ao controle Cabernet Sauvignon.

7.5 CONCLUSÕES

Os resultados atuais indicam que a análise de variáveis como força mecânica, severidade da podridão, °Brix, pH e acidez é essencial para a otimização do manejo de vinhedos e a produção de vinhos de alta qualidade. Variedades com cachos mais densos e pesados são mais

suscetíveis à podridão, especialmente em regiões com alta umidade e precipitação, como observado em Curitibanos e Videira.

A correlação positiva entre o peso do cacho e a severidade da podridão destaca a necessidade de adotar práticas de manejo que promovam melhor circulação de ar nos vinhedos, como podas adequadas, para evitar o ambiente propício ao desenvolvimento de patógenos. Variedades com maior acidez, por outro lado, tendem a ser mais resistentes à podridão, o que sugere um benefício adicional no cultivo de uvas com essas características.

Outro resultado relevante é a importância da resistência mecânica das bagas, que reduz os danos durante a colheita e o transporte, minimizando a incidência de doenças. Variedades com maior força para romper as bagas são mais indicadas para condições de transporte mais rigorosas.

Por fim, os dados climáticos indicam que as condições de Curitibanos, embora semelhantes às de Videira, podem ser ligeiramente mais favoráveis ao cultivo de variedades mais sensíveis à umidade, devido a variações nas condições de precipitação e umidade. Esses insights são essenciais para ajustar o manejo fitossanitário e maximizar a resistência a doenças, garantindo melhor produtividade e qualidade dos vinhos produzidos.

REFERÊNCIAS

- ABBAL, P.; BOULET, E.T.; MOUTOUNET, M. Utilisation de parametres physiques pour la caractérisation de la véraison des baies de raisin. **Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin**, 26, N° 4, 231-237, 1992.
- ABALLAY, E.; NAVARRO, A. Tolerance of some grapevine rootstocks to *Tylenchulus semipenetrans* Cobb 1914 in Chile. **Agricultura Técnica**, v. 65, n. 3, p. 319, 2005.
- ANDRADE, E. R. et al. Avaliação da resistência de *Vitis* spp. a *Fusarium oxysporum* f.sp. *herbemontis* em condições controladas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 28, n. 11, p. 1287-1290, 1993.
- ANGELOTTI, F. et al. Resistência de genótipos de videira à ferrugem. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, p. 1129-1134, 2008.
- ARAÚJO, E.G. et al. **Métodos de amostragem e tamanho de amostra para avaliar o estado de maturação da uva Niágara Rosada**. 2009.
- BISSON, L.F. et al. The present and future of the international wine industry. **Nature**, v. 418, n. 6898, p. 696-699, 2002. <http://dx.doi.org/10.1038/nature01018>
- BOSO, S. et al. Susceptibility to downy mildew (*Plasmopara viticola*) of different Vitis varieties. **Crop Protection**, v. 63, p. 26-35, 2014.
- BOTELHO, R.V. et al. Efeitos de reguladores vegetais na qualidade de uvas' Niagara Rosada' na região noroeste do Estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 26, p. 74-77, 2004.
- BOURSIQUOT, J.M. et al, P. Parentage of Merlot and related winegrape cultivars of southwestern France: discovery of the missing link. **Australian Journal of Grape and Wine Research**, 15(2), 144–155, 2009. doi:10.1111/j.1755-0238.2008.00041.x
- BOURNE, W. F. DNA extraction and analysis techniques in plant biotechnology. **Plant Biotechnology Journal**, v. 3, p. 1–10, 2002.
- BUFFARA, C.R.S. et al. Elaboration and validation of a diagrammatic scale to assess downy mildew severity in grapevine. **Ciência Rural**, v. 44, n. 8, p. 1384-1391, 2014.
- CIA, P. et al. Radiação ultravioleta no controle pós-colheita de *Colletotrichum gloeosporioides* em uva 'niagara rosada'. **Bragantia**, v. 68, p. 1010-1015, 2009.
- CHAVES, M.; MARTINELLI, J. Ferrugem da folha da aveia: Aspectos epidemiológicos e perspectivas de controle através da resistência genética na região sul do Brasil. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 11, n. 4, 2005.
- COMARELLA, C.G. et al. Ultrasound irradiation of grapes: effect on the anthocyanin profile of “Isabella” juice. **British Food Journal**, v. 124, n. 4, p. 1333-1349, 2022.

COOMBE, B.G.; MCCARTHY, M.G. Dynamics of grape berry growth and physiology of ripening. **Australian Journal Of Grape And Wine Research**, v. 6, n. 2, p. 131-135, jul. 2000. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1755-0238.2000.tb00171.x>.

DA SILVA-REIS, C.M. et al. Qualidade física e química da uva cultivar Isabel tratada em pré e pós-colheita com filtrado de *Curvularia inaequalis*. **CONTRIBUCIONES A LAS CIENCIAS SOCIALES**, v. 17, n. 3, p. e5530-e5530, 2024.

DE MOURA BRASIL, N. et al. Caracterização físico-química de bagaço de uva Chardonnay proveniente do processo de vinificação. In: **Revista do Congresso Sul Brasileiro de Engenharia de Alimentos**. 2016.

FERREIRA, I.M.P.L.V.O., MENDES, E., BRITO, P., FERREIRA, M.A. Analysis of inorganic constituents in grape juices and soft drinks: A PCA approach for sodium, preservatives, and mineral salt content as discriminant factors. **Food Chemistry**, 77(2), 193-198, 2002.

GIACOSA, S. et al. Selection of a mechanical property for flesh firmness of table grapes in accordance with an OIV ampelographic descriptor. **American Journal of Enology and Viticulture**, v. 65, n. 2, p. 206-214, 2014.

GIORDANO M. et al. Volatile fingerprint and physico-mechanical properties of 'Muscat blanc' grapes grown in mountain area: A first evidence of the influence of water regimes. **Italian Journal of Food Science**, v. 25, n. 3, p. 329, 2013.

GLAZEBOOK, J. Contrasting mechanisms of defense against biotrophic and necrotrophic pathogens. **Annual Review of Phytopathology**, 43, 205-227, 2005.

HAMADA, E. et al. Cenários futuros de epidemia do oídio da videira com as mudanças climáticas para o Brasil. **Revista Brasileira de Geografia Física**, Recife, v.8, p.454-70, 2015.

HAMMOND-KOSACK, K.E.; JONES, J.D.G. Resistance gene-dependent plant defense responses. **The Plant Cell**, 8(10), 1773-1791, 1996.

HEYMANN, H.; NOBLE, A.C. Comparison of canonical variate and principal component analyses of wine descriptive analysis data. **Journal of Food Science**, v. 54, n. 5, p. 1355-1358, 1989.

HILHA, A. et al. Vitis species and varietal resistance of mature berries against inoculation of an isolate of the *Colletotrichum acutatum* complex that causes grape ripe rot. **Acta Horticultura**, v. 1385, p. 95-102, 2024.

HILL, G.N.; BERESFORD, R.M.; EVANS, K.J. Tools for accurate assessment of botrytis bunch rot (*Botrytis cinerea*) on wine grapes. **New Zealand Plant Protection**, Auckland, v.63, p.174-181, 2010.

JACKSON, D.I., LOMBARD, P.B. Environmental and management practices affecting grape composition and wine quality: A review. **American Journal of Enology and Viticulture**, v. 44, n. 4, p. 409-430, 1993.

JUNIOR, V.A. M. et al. Resistência de variedades de videira a *Xanthomonas campestris* pv. viticola. **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 70, n. 3, p. 373-376, 2003.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. Package ‘factoextra’. **Extract and visualize the results of multivariate data analyses**, v. 76, n. 2, 2017.

KÖK, D.; ÇELİK, S. Determination of characteristics of grape berry skin in some table grape cultivars (*V. vinifera* L.). **J. Agron.** 3: 141-146.

LASZLO, J.C.; SAAYMAN, D. Optimum harvesting stages for Dan-ben-Hannah, La Rochelle and Bonheur table grape cultivars. **Deciduos Fruit Grower**, 41, 257-263. 1991.

LE MOIGNE, M. et al. Sensory and instrumental characterisation of Cabernet Franc grapes according to ripening stages and growing location. **Food Quality and Preference**, v. 19, n. 2, p. 220-231, 2008.

LEÃO, P.C.S. **Bancos de germoplasma de videira: Recursos genéticos para o melhoramento de cultivares resistentes a doenças**. Embrapa Semiárido, 2019.

LETAIEF, H.; ROLLE, L.; GERBI, V. Mechanical behavior of winegrapes under compression tests. **American Journal of Enology and Viticulture**, v. 59, n. 3, p. 323-329, 2008.

LIMA, I.L. de et al. Dimensões anatômicas da madeira de *Tectona grandis* Linn. em função do espaçamento e da posição radial do tronco. **Scientia Forestalis**, v. 39, n. 89, p. 61-68, 2011.

LÓPEZ-ZAPATA, S.P. et al. Caracterización del agente causante de la deformación de los frutos de la uva (*Vitis vinifera* L.) var. Red Globe en La Unión, Valle del Cauca, Colombia. **Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales**, v. 43, n. 167, p. 241-249, 2019.

MCCARTHY, M. G. Effects of water deficit on fruit development and composition. **Australian Journal of Grape and Wine Research**, v. 6, p. 89–95, 2000.

MARTINELI, M. et al. Avaliação sensorial e da qualidade de uvas-passas processadas a partir de três cultivares produzidas no semiárido. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 21, p. e2017131, 2018.

MASCARENHAS, R. de J. et al. Qualidade sensorial e físico-química de uvas finas de mesa cultivadas no submédio São Francisco. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, p. 546-554, 2013.

MAUEL, D. **Manual de fisiologia vegetal aplicada à viticultura**. Florianópolis: Editora AgroTech, 2021.

MENCARELLI F. et al. Accurate detection of firmness and colour changes in the packing of table grapes with paper dividers. **Journal of Horticultural Science**. 69, 2, 299-304, 1994.

MUGANU M. et al. Influence of bunch position in the canopy on berry epicuticular wax during ripening and on weight loss during postharvest dehydration. **American Journal of Enology and Viticulture**, v. 62, n. 1, p. 91-98, 2011.

NASCIMENTO, A.R.P. et al. Elaboração e validação de escala diagramática para cancro bacteriano da videira. **Summa Phytopathologica**, v. 31, n. 1, p. 59-64, 2005.

NETO, A.T.B.; FISCH, S.T.B.V. Comunidade de palmeiras no entorno de escorregamentos no Parque Estadual da Serra do Mar-Núcleo Santa Virgínia, SP. **Ambiente & Água-An Interdisciplinary Journal of Applied Science**, v. 2, n. 2, p. 21-32, 2007.

OIV - INTERNATIONAL ORGANISATION OF VINE AND WINE. **World viticulture situation: OIV statistical report on world vitiviniculture**. 2009. Disponível em: <http://www.oiv.int/public/medias/5479/oiv-en-bilan-2017.pdf>. Acesso em: 12 set. 2017.

OLIVEIRA, L.D. da S. et al. Características agronômicas e sensibilidade ao rachamento de bagas de uvas sem sementes. **Journal of Environmental Analysis and Progress**, p. 274-282, 2017.

OLIVEIRA, A.C.B.; MACIEL, F.M.; FERREIRA, M.E. Identification of genetic markers linked to powdery mildew and downy mildew resistance in grapes using AFLP analysis. **Scientia Horticulturae**, 105(3), 279-288, 2005.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. Dal'C. Metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783-789, 2020.

PERFECT, S.E.; GREEN, J.R. Invasion and development of biotrophic fungi. **Current Opinion in Plant Biology**, 4(4), 386-392, 2001.

PENSO, G.A. et al. Study of the maturation of grapes (*Vitis vinifera* L.) grown in Dois Vizinhos, Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, n. 6, p. 3085-3097, 2014.

POIANI, M.R.; MONTANUCI, F.D. Caracterizações físicas e tecnológicas e perfil de textura de cookies de farinha de uva e linhaça. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 22, p. e2018074, 2019.

PORRO D., RAMPONI M., TOMASI T., ROLLE L. AND PONI S. Nutritional implications of water stress in grapevine and modifications of mechanical properties of berries. In: **VI International Symposium on Mineral Nutrition of Fruit Crops** 868. 2008. p. 73-80.

PORTO, M.A.L. et al. Otimização da desidratação osmótica de uva Crimson Seedless (*Vitis vinifera* L.). 2011.

R CORE TEAM. **R: A Language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. 2017. Disponível em: <http://www.r-project.org>

RAIMONDI, S. et al. DNA-based genealogy reconstruction of Nebbiolo, Barbera and other ancient grapevine cultivars from northwestern Italy. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 15782, 2020.

REIS, F.; SILVA, L.C.; MOURA, R. A. Evaluation of solidified shell thickness in continuous casting using the wedge method: Measuring up to 97% of the solidification process. **Journal of Metallurgical Engineering**, 42(3), 150-160, 2023.

REIS, E.M. et al. Application and validation of a warning system for grapevine downy mildew control using fungicides. **Summa Phytopathologica**, v. 39, p. 10-15, 2013.

RIZZON, L.A.; MIELE, A. Analytical characteristics and discrimination of Brazilian commercial grape juice, nectar, and beverage. **Food Science and Technology**, v. 32, p. 93-97, 2012.

ROBIN, J.P.; ABBAI, P.; FLANZY, C. La fermeté des baies de raisin: définition d'un indice de fermeté corrélation avec les modifications de couleur et application à la détection précoce de la véraison. **V@Symp. Int.** (Enol., bordeaux 15-17 juin 1995, Coordonnateur A. Lonvaud-Funel, Ed. Technique et Documentation, Londres, Paris, New-York, 109-114.1996.

ROBIN, J.P.; ABBAI, P.; SALMON J.M. Fermeté et maturation du raisin. Définition et évolution de différents paramètres rhéologiques au cours de la maturation. **Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin**, 31, 127-138. 1997.

ROLLE, L. et al. Modifications of mechanical characteristics and phenolic composition in berry skins and seeds of Mondeuse winegrapes throughout the on-vine drying process. **Jornal of Science of Food and Agriculture**. 89, 11. 2009.

ROLLE, L. et al. Influence of wine-grape skin hardness on the kinetics of anthocyanin extraction. **International Journal of Food Properties**, v. 15, n. 2, p. 249-261, 2012a.

ROLLE, L. et al. Assessment of physicochemical differences in Nebbiolo grape berries from different production areas and sorted by flotation. **American Journal of Enology and Viticulture**, v. 63, n. 2, p. 195-204, 2012b.

ROLLE, L. et al. Instrumental texture analysis parameters as markers of table-grape and winegrape quality: A review. **American Journal of Enology and Viticulture**, v. 63, n. 1, p. 11-28, 2012c.

ROSENQUIST, J.K.; MORRISON, J.C. Some factors affecting cuticle and wax accumulation on grape berries. **American Journal of Enology and Viticulture**, v. 40, n. 4, p. 241-244, 1989.

RUIZ HERNANDEZ M. Estudios of berry skin structure of red *Vitis vinifera* grapes from Rioja. **Semana Vitivinicola**, 2579, 91-93.1996.

SATO, A.; YAMANE, H.; HIRAKAWA, N.; OTOBE, K.; YAMADA, M. Varietals differences in the texture of grape berries measured by penetration tests. **Vitis**, 36, 7-10, 1997.

SATO, A.; YAMADA M. Berry texture of table, wine, and dual-purpose grape cultivar quantified. **HortScience**, 38, 4, 578-581, 2003.

SIMS, C. A.; HALBROOKS, M. C. Quality comparison of "Orlando Seedless" with "Thompson Seedless" grapes. **In: Proceedings of the... annual meeting of the Florida State Horticulture Society (USA)**. 1986.

SHIGEMATSU, E. et al. Estudo da vida útil de uvas minimamente processadas com cobertura à base de cera de abelha e alginato de sódio. **Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial**, v. 12, n. 2, 2018.

SPÓSITO, M. B. et al. Spatial pattern of black spot incidence within citrus trees related to disease severity and pathogen dispersal. **Plant Pathology**, v. 57, n. 1, p. 103-108, 2008.

TELLO, J.; IBÁÑES, J. Evaluation of indexes for the quantitative and objective estimation of grapevine bunch compactness. **Vitis** 53 (1), 9–16, 2014.

TORCHIO, F. et al. Mechanical properties, phenolic composition and extractability indices of Barbera grapes of different soluble solids contents from several growing areas. **Analytica Chimica Acta**, v. 660, n. 1-2, p. 183-189, 2010.

TORRES-ESPÍN, A. et al. Reproducible analysis of disease space via principal components using the novel R package syndRomics. **Elife**, v. 10, p. e61812, 2021.

VAN KAN, J. A. L. (2006). Licensed to kill: The lifestyle of a necrotrophic plant pathogen. **Trends in Plant Science**, 11(5), 247-253.

VARGAS, A.; PÉREZ, J.; ZOFFOLI, J.; PÉREZ, A. Study of two methods used to quantify the berry firmness of Thompson seedless grapes. **Ciencia e Investigación Agraria**, v. 28, n. 1, p. 37-42, 5 abr. 2001. <http://dx.doi.org/10.7764/rcia.v28i1.433>.

VIVC - VITIS INTERNATIONAL VARIETY CATALOGUE. **Passport data**. 2018. Disponível em: <https://www.vivc.de/index.php?r=passport%2Findex>.

WEI, Taiyun et al. Package ‘corrplot’. **Statistician**, v. 56, n. 316, p. e24, 2017.

CAPÍTULO 4 – *Vitis* species and varietal resistance of mature berries against inoculation of an isolate of the *Acutatum* complex that causes grape ripe rot

Published in Acta Horticulture - <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2024.1385.13>

Abstract

Grape ripe rot, caused by several *Colletotrichum* species, is one of the main grapevine diseases, favored by warm and humid climates, attacking mainly white grape cultivars. It directly affects the quality of the wine and does not have a satisfactory solution, not even with the use of fungicides. Equally relevant are the growing restrictions on production systems that are intensive in chemical inputs, due to environmental impacts and human health. Thus, it is necessary to develop selection criteria for use in breeding programs aimed at developing varieties that combine disease resistance genes and enological quality. In this context, the objective of this work was to evaluate the pathogenicity and aggressiveness of an isolate of *Colletotrichum acutatum* in berries of different grapevine genotypes with different forms of inoculation. Inoculated berries from *Vitis vinifera* cultivars and partially resistant cultivars (PIWI) containing downy mildew resistance alleles (*Rpvs*) were evaluated. All white and rose grape varieties were susceptible to the *C. acutatum* isolate. The varieties Bronner, Sauvignier Gris, Sauvignon Blanc, Calardis Blanc and Helios showed a higher degree of susceptibility, while Felicia and Poloskei Muscatally showed lower susceptibility than the other white grapes varieties. The red cultivars Regent, Prior and Merlot, as expected, also showed a low degree of susceptibility. Wounding the peel also increased the penetration of the fungus into the peel. With any signal of infection, berries from *V. shuttleworthii* behaved as highly resistant. In fact, it's necessary to repeat the bioassay to confirm the immunity of the *V. shuttleworthii* with additional isolates. The results indicate that there is genetic variability for resistance to *Colletotrichum* within existing varieties and further studies are needed to identify other resistant genotypes and possible resistance alleles to all the fungi species that cause the ripe rot disease in grapes.

Keywords: grapevine disease, bunch rot, resistance

INTRODUCTION

In most regions of southern Brazil, the climate is a challenging factor for cultivation of *Vitis vinifera*. In addition to being warmer and more humid than the region of origin of this species, the climatic conditions also favor the occurrence and severity of several grape diseases. One such disease, grape ripe rot, can cause severe damage to wine grape production in years of high rainfall. Because it happens at the end of the cycle, there are few possibilities of control in

terms of management. As a result, winegrowers use fungicides to minimize losses. The use of pesticides, on the one hand, increases production costs and causes adverse impacts on human health and the environment.

Grape breeding programs have already developed disease resistant cultivars by introgression of alleles of resistance genes from other species of *Vitis* using successive backcrossing. These resistant cultivars, also called PIWI, are already being cultivated in different countries and are partially resistant to downy mildew and powdery mildew (Eibach et al., 2007; Foria et al., 2022). In addition, cultivars that are resistant to other diseases are under development. None of the PIWI cultivars have been released as resistant to grape ripe rot but considerable differences in the incidence of this disease have been observed among them. So, these cultivars are a possible source of resistance genes against grape ripe rot with the advantage of having a high percentage of *Vitis vinifera* genome.

Combining the use of morphological and molecular analysis, six species of *Colletotrichum* were identified in berries with symptoms of ripe rot in commercial *Vitis vinifera* and *Vitis labrusca* vineyards in southern Brazil: *C. fructicola*, *C. kahawae* and *C. viniferum* (species complex *Gloeosporioides*), *C. limitticola*, *C. nymphaeae* (species complex *Acutatum*) and *C. karstii* (species complex *Boninense*) (Echeverrigaray et al., 2020). Several studies have documented that *C. acutatum* cause infection in inflorescence tissues; however, symptoms appear close to harvest, more than three months after the initial infection (Greer et al., 2011).

Therefore, new studies may help to identify genotypes adapted to the edaphoclimatic conditions of the region and their reaction when exposed to grape ripe rot, as well as to improve the management practices of vineyards (Brighenti et al., 2013). The objective of this work was to evaluate the pathogenicity and aggressiveness of an isolate of *Colletotrichum acutatum* in berries of different grapevine genotypes with different forms of inoculation.

MATERIALS AND METHODS

Thirteen cultivars were used in the present study (Table 1), seven of them are disease resistant cultivars (PIWI). They were obtained by modified backcrossing, containing a high percentage of *V. vinifera* genome and resistance alleles to powdery mildew and downy mildew from other species of genus *Vitis* (Dias et al., 2022). Plants were grown in the vineyard of Videira Experiment Station (EPAGRI) (-27°00', -51°09', 840 m altitude), Videira, Santa Catarina State, Brazil.

Table 1. Genealogy, number Vitis International Variety Catalogue (VIVC) and color of the berry skin of cultivars used in the present study.

Genotypes	VIVC code ^a	Genealogy	Color
Bronner	17129	Merzling × Geisenheim 6494	White
Calardis Blanc	22828	Calardis Musqué × SV39-639	White

Felicia	20348	Sirius × Vidal Blanc	White
Regent	4572	Diana × Chambourcin	Black
Sauvignon Blanc	10790	<i>Vitis vinifera</i>	White
Souvignier Gris	22629	Seival Blanc × Zaehringer	Red
Helios	17133	Merzling × Freiburg -986-60	White
Merlot	7657	<i>Vitis vinifera</i>	Black
Poloskei Muskotaly	8207	Zalagyöngye × (Gloria Hungariae × Erzsebet Kiralyne Emleke)	White
Prior	19993	FR 4-61 × FR 236-75R	Black
Niagara Rosada	8540	<i>Vitis labrusca</i>	Red
Concord	2801	<i>Vitis labrusca</i>	Black
<i>Vitis shuttleworthii</i> PI 4407	-	<i>Vitis shuttleworthii</i>	Red

^aSource: VIVC (2018).

The isolate P_VI_19 of *C. lupini* was used in the inoculation bioassay. This isolate was previously characterized by morphological and molecular analysis and assigned to the *C. acutatum* species complex.

After harvesting, the berries were taken to the laboratory, disinfected by immersion in 70% ethyl alcohol for 1 min and 0.5% sodium hypochlorite (NaClO) for 5 min, then rinsed with sterile water three times. To obtain the spore suspension, mycelium was scraped from a plate with 7 days of growth and transferred to a falcon tube with water. Spores were counted with a Nuebauer chamber and adjusted to a concentration of 6×10^6 conidia mL⁻¹ of isolate P_VI_19.

For wound treatments, a sterile needle was used to make a puncture in the berry. For juice treatments, berries of each variety were crushed in a plastic bag. A drop of the obtained juice was deposited on the site of inoculation. Immediately after inoculation, the berries were placed in cotton cups that simulate the humid chamber (Echeverrigaray et al., 2020). Daily measurements of the diameter and size of the grape ripe rot lesion were recorded with the help of a caliper to track the progression of the disease in different cultivars until it reached its peak of severity, which was eight days. The choice of these genotypes was due to results obtained in evaluations with anthracnose in the field (Dias et al., 2022). Two forms of inoculation were tested (with and without wound), the presence or absence of grape juice during inoculation (with and without juice), and with and without sterilized water, as a control. Grape juice was added to simulate berry damage and must leakage to other berries under field conditions. Thus, the eight treatments were: T1 – with wound plus water (w/W+H₂O); T2 – no wound plus water (w/oW+H₂O); T3 – with injury and suspension of conidia suspension (w/W+CoS); T4 – without injury and suspension of conidia (w/oW+CoS); T5 – with injury plus grape juice (w/W+GJ); T6 – without wound plus juice (w/oW+GJ), T7 – with wound, grape juice and conidia suspension (w/W+GJ+CoS); and T8 – without wound, with grape juice and conidia suspension (w/oW+GJ+ Waistband). The plots containing 10 berries, for all eight treatments and 13 cultivars, were completely randomized in a factorial design (13×8) with 13 genotypes and 8 inoculations, respectively. The values obtained in the measurement of the diameter of the grape ripe rot lesion size of the berries were submitted to the Bartlett test to evaluate the homogeneity of variance ($p < 0.05$) and the Shapiro-Wilk test for normality ($p < 0.05$) and then data were transformed by $\sqrt{x+1}$ and subjected to analysis of variance (ANOVA), with subsequent comparison of means by the Scott-Knot test at 5% probability, using the Software R Studio Development Core Team (R Core Team, 2023). AUDPC was calculated.

RESULTS AND DISCUSSION

The diameter size of the *Colletotrichum* lesion was affected by the genotype and different inoculation methods (Table 2), being significant for diameter size and disease progression. Wounding increased lesion size in ‘Felicia’, ‘Niagara Rosada’, ‘Souvignier Gris’ and ‘Sauvignon Blanc’ genotypes. The presence of grapevine juice in the inoculation procedure affected positively the lesion size in ‘Calardis Blanc’, ‘Felicia’, and ‘Sauvignon Blanc’ genotypes. Overall, the larger lesion size was exhibited by ‘Bronner’, ‘Calardis Blanc’, ‘Souvignier Gris’, and ‘Sauvignon Blanc’ genotypes. Conversely, the smallest lesion size was observed in ‘Prior’, ‘Regent’ and *V. shuttleworthii* (Table 2).

Regardless of the inoculation method tested, the cultivars that showed the greatest susceptibility to the pathogen were ‘Bronner’, ‘Souvignier Gris’, ‘Sauvignon Blanc’, ‘Calardis Blanc’ and ‘Helios’ (Table 3). Wounding usually increases the AUDPC values (see ‘Bronner’, ‘Calardis Blanc’ and ‘Niagara Rosada’), except for ‘Bronner’ in the presence of grape juice. Although statistically significant just in ‘Bronner’, grape juice in non-wounded berries increased the AUDPC values in the other six genotypes. It is interesting to note that the infection occurred even in the control treatment (H₂O) which is probably due to the presence of the fungus inside the berries collected in the vineyard. Overall, the white and red cultivars, except ‘Poloskei Muskotaly’, showed the higher values of AUDPC. For ‘Bronner’, the lowest AUDPC value was found in the inoculation with wound + water (T1). However, for ‘Souvignier Gris’, the highest value of AUDPC was found in T1. For ‘Sauvignon Blanc’, the lowest AUDPC was found in T2 and T6, in both cases in without wound berries.

Table 2. Average of diameter of grape ripe rot lesion size on berries evaluated on the 8th day after inoculation with the isolate P_VI_19 of 13 different grapevine genotypes submitted to 8 different forms of inoculation with the fungus *C. acutatum*.

Genotypes	T1 w/W+H 20	T2 w/oW+H 20	T3 w/W+C oS	T4 w/oW+C oS	T5 w/W+ GJ	T6 w/oW+ GJ	T7 w/W+GJ+C oS	T8 w/oW+GJ+ CoS
Bronner	2,25Aa	4,04Ba	11,46Bb	10,46Bb	12,14B b	7,35Bb	9,25Bb	10,36Bb
Calardis blanc	2,59Aa	5,45Ba	5,09Aa	1,72Aa	6,95Ba	5,26Bb	8,98Bb	7,12Bb
Concord	1,75Aa	1,72Aa	2,03Aa	1,41Aa	1,93Aa	0,00Aa	0,40Aa	0,52Aa
Felicia	0,00Aa	0,00Aa	1,05Aa	0,00Aa	8,13Bb	0,00Aa	5,70Bb	0,00Aa

Helios	6,10Bb	1,13Aa	3,92Aa	1,03Aa	9,09Bb	10,88C b	4,00Aa	0,00Aa
Merlot	0,00Aa	0,00Aa	3,04Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa
Niagara Rosada	1,71Aa	7,51Bb	10,51Bb	4,43Ba	4,74Aa	2,46Aa	0,00Aa	3,31Aa
Poloskey Muskotaly	0,00Aa	1,58Aa	1,58Aa	0,00Aa	1,79Aa	1,00Aa	1,09Aa	3,66Aa
Prior	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	2,87Aa	0,91Aa	0,00Aa	1,41Aa
Regent	1,09Aa	0,99Aa	0,00Aa	1,73Aa	2,47Aa	2,59Aa	1,21Aa	0,00Aa
Sauvignon Blanc	8,30Bc	0,00Aa	10,07Bc	7,61Bc	4,97A b	0,00Aa	12,42Bc	4,72Bb
Souvignier Gris	3,91Aa	6,57Ba	13,48Bb	5,94Ba	6,49Ba	6,59Ba	8,67Ba	7,48Ba
<i>Vitis</i> <i>shuttleworthii</i>	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa

* Means followed by the same capital letter in the columns do not differ from each other for the varieties. Means followed by the same lowercase letters in the lines do not differ among themselves for the treatments, both for Scott-Knott $p < 0.05$.

T1- With wound plus water (w/W+H₂O); T2- Without wound plus water (w/oW+H₂O); T3- With wound and conidia suspension (w/W+CoS), T4- Without wound and conidia suspension (w/oW+CoS), T5- With wound plus grape juice (w/W+GJ), T6- Without wound plus juice (w/oW+GJ), T7 with wound, grape juice and conidia suspension (w/W+GJ+CoS) and T8 - Without wound, with grape juice and conidia suspension (w/oW+GJ+CoS).

Table 3. Aggressiveness of the *Colletotrichum lupini* isolate, in its different forms of inoculation through the Area under the disease progress curve (AUDPC) values along the daily measurements.

Genotypes	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8
-----------	----	----	----	----	----	----	----	----

	wW+H z0	w/oW+H z0	w/W+C oS	w/oW+C oS	w/W+ GJ	w/oW+ GJ	w/W+GJ+C oS	w/oW+GJ+C oS
Bronner	146,08A a	123,05Ba	315,64Bb	279,42Bb	311,45 Bb	214,95B b	104,07Ba	321,27Bb
Calardis blanc	49,05Aa	181,52Bb	133,94A b	53,58Aa	152,47 Bb	153,17B b	104,45Bb	176,84Bb
Concord	40,43Aa	36,09Aa	34,23Aa	35,79Aa	34,22A a	0,00Aa	5,42Aa	12,56Aa
Felicia	0,00Aa	0,00Aa	16,12Aa	0,00Aa	174,54 Ab	0,00Aa	55,01Bb	0,00Aa
Helios	146,08 Bb	146,08Ba	92,19Aa	30,01Aa	170,91 Bb	306,98C c	38,68Aa	0,00Aa
Merlot	0,00Aa	0,00Aa	79,24Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa
Niagara Rosada	42,40Aa	198,07Bb	266,43Bb	105,86Aa	120,02 Aa	59,76Aa	54,25Ba	78,11Aa
Poloskey Muskotaly	0,00Aa	38,64Aa	38,64Aa	0,00Aa	23,11A a	17,34Aa	11,71Aa	25,33Aa
Prior	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	87,86A a	27,98Aa	0,00Aa	35,08Aa
Regent	25,06Aa	35,97Aa	0,00Aa	43,03Aa	54,57A a	70,55Aa	18,90Aa	0,00Ab

Sauvignon Blanc	266,04B c	0,00Aa	338,30Bc	233,79Bc	155,68 Bb	0,00Aa	168,26Bc	129,07Bc
Souvignier Gris	149,53B a	219,53Bb	403,45Ba	163,30Ba	187,16 Ba	211,75B a	84,74Ba	207,46Ba
<i>Vitis shuttleworthii</i>	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa	0,00Aa

* Means followed by the same capital letter do not differ from each other in the column for the varieties. Means followed by the same lowercase letter do not differ from each other in the line for the treatments, both for Scott-Knott $p < 0.05$.

T1- wW+H₂O; T2- w/oW+H₂O; T3- w/W+CoS, T4- w/oW+CoS, T5- w/W+GJ, T6- w/W+GJ, T7- w/W+GJ+CoS e T8 - w/W+GJ+CoS.

The black cultivars ‘Regent’, ‘Felicia’, ‘Prior’ and ‘Merlot’, the white ‘Poloskei Muskotaly’, and *V. shuttleworthii* showed the lowest values and the lowest susceptibility to the pathogen. with an emphasis on *V. shuttleworthii*, which did not show symptoms of the disease (Tables 2 and 3).

The effective management of grape ripe rot in vineyard poses considerable challenges. However, the adoption of grape cultivars exhibiting resistance to grape ripe rot represents a significant advantage within the vine cultivation in high rainfall areas. One of the most important steps is a grape breeding program that will involve the selection of genetic resources and seedlings resistant to grape ripe rot. Although variations in the tolerance of grape cultivars to ripe rot disease have been reported (Mirica, 1994), the selection and identification of grapevine germplasm resistant to ripe rot disease has depended primarily on visual assessment of the grapevines (Mortensen, 1971; Wang et al., 1998). However, the identification of resistance to grape diseases also depends on the evaluation of the field test, which demands a lot of time and labor. Determining disease resistance by visual inspection is difficult since the symptoms expressed are highly influenced by many environmental factors.

There is still no research that has exhaustively examined resistance to *Colletotrichum* spp. (Shiraish et al., 2006), particularly the ones that cause grape ripe rot. Therefore, a more detailed, quantitative, and systematic screening is needed to determine the resistance of grapevine cultivars to ripe rot. To do that, it is necessary to develop a method to select parental genotypes and resistant clones from segregating populations for further breeding purposes. Thus, laboratory studies are more accurate in complex diseases such as grape ripe rot. This strategy has been largely used to study other diseases in several host species.

Therefore, the present laboratory bioassay was carried out because assessments of the incidence and severity of rots in the field, during the previous three harvests in different environments, revealed distinct behavior expressed by distinct genotypes. It is relevant to mention that no grape ripe rot was observed so far in *V. shuttleworthii* PI4407 (“Caloosa grape”) at field conditions. This genotype was tested here because it has potential use in grape breeding due to some characteristics such as large berries, hermaphroditism, and resistance bunch rots in general.

In a study carried out by Jang et al. (2011), the cultural characteristics of *C. acutatum* in different culture media were determined. Among five culture media tested, the mycelium of *C. acutatum* showed vigorous growth in the V-8A medium, PDA and Asparagine. Likewise, it was observed that the optimal temperature for the cultivation of the pathogen isolated from the grape ripe rot lesion was identical. These results confirmed the findings of earlier studies that revealed that ripe grape rot developed best at 25-28°C with sufficient moisture. These results were also consistent with results in Korea, where the optimal temperature for *C. gloeosporioides* infection in rooted cuttings of ‘Seibel 9110’ and ‘Riesling’ grapevines was 25-30°C. To date, screening for resistance to *C. acutatum*, one of the causal agents of grape ripe rot, among grape cultivars has been commonly performed using three to four years natural infection in vineyards. An in vitro screening system was used by Jang et al. (2011) to evaluate 16 grape cultivars for resistance to *C. acutatum*. The results showed that grape cultivars ‘Tamnara’, ‘Ruby Okuyama’, ‘Kyoho-Sakura’, ‘Black Eye’ and ‘Black Rose’ were susceptible, but ‘Zabalkanski’, ‘Benianyó’, ‘Flame Seedless’ and ‘Beniyamabico’ were resistant.

The isolate from our study was collected and isolated in the same Experiment Station where the berries were collected to perform the present study. The screening procedure for testing grape ripe rot resistance of grapevine cultivars using inoculation of the *C. acutatum* pathogen was accurate, cost-effective, and labor-saving (Figure 1). The results were consistent with field observations that have been made during at least eight years with the same cultivars. Data obtained on resistance to ripe rot will be useful in the grape breeding program. In the future, it can be applied to select diverse genetic resources resistant to grape ripe rot grapes for the development of new cultivars of disease resistant grapes.

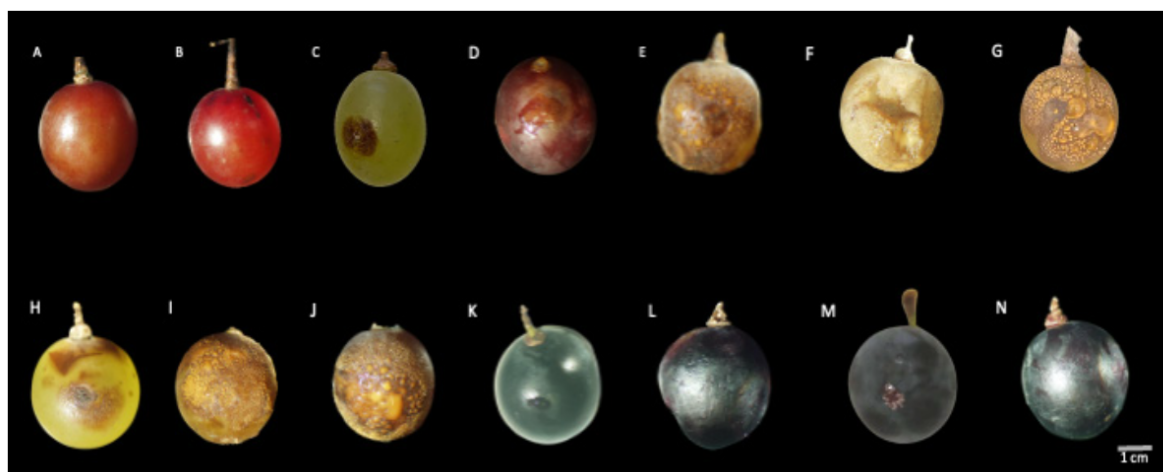


Figure 1. Berry reactions of distinct cultivars after inoculation with the isolate P_VI_19. A) *Vitis shuttleworthii* – T3; B) *Vitis shuttleworthii* – T5; C) ‘Poloskei’ – T4; D) ‘Niagara Rosada’

– T8; E) ‘Bronner’ – T4; F) ‘Calardis Blanc’ – T3; G) ‘Sauvignon Blanc’ – T7; H) ‘Felicia’ – T3; I) ‘Helios’ – T3; J) ‘Souvignier Gris’ – T3; K) ‘Regent’ – T6; L) ‘Merlot’ – T7; M) ‘Concord’ – T1; N) ‘Prior’ – T3. T3 – w/W+CoS; T4 – w/oW+CoS; T5 – w/W+GJ; T6 – w/oW+GJ; T7 – w/W+GJ+CoS; T8 – w/oW+GJ+CoS.

CONCLUSIONS

There is a significant interaction between genotypes and the forms of inoculation tested. On average, wounding, and addition of grape juice increased development of the inoculated isolate of *Colletotrichum acutatum*. ‘Bronner’, ‘Souvignier Gris’, ‘Sauvignon Blanc’, ‘Calardis Blanc’ and ‘Helios’ were the most susceptible genotypes while ‘Regent’, ‘Felicia’, ‘Poloskei Muskotaly’, ‘Prior’, ‘Merlot’ and *Vitis shuttleworthii* showed the lowest inoculum development and, consequently, a lower susceptibility. The *Vitis shuttleworthii* clone NI4407 did not show any development of the pathogen, regardless of the form of inoculation tested. The results obtained so far can be applied in breeding programs, particularly in the choice of parents for future crosses and selection criteria in the segregant progenies, as well as in the choice of new cultivars for commercial vineyards.

ACKNOWLEDGEMENTS

We are grateful to Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) and Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) for scholarships awarded, and Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação de Santa Catarina (FAPESC) for financial support (Proj. TO2021 TR002096).

Literature cited

- Brighenti, A.F., Brighenti, E., Bonin, V., and Rufato, L. (2013). Caracterização fenológica e exigência térmica de diferentes variedades de uvas viníferas em São Joaquim, Santa Catarina-Brasil. *Cienc. Rural* 43 (7), 1162–1167 <https://doi.org/10.1590/S0103-84782013005000082>.
- Dias, A.H., Modesto, L.R., Steiner, D.R.M., Kulkamp, S.A.L., Dal Vesco, L.L., Welter, L.J., and Nodari, R.O. (2022). Anthracnose susceptibility for grapevines with resistance loci to downy and powdery mildew in Southern Brazil. *Vitis* 61, 93–100 <https://doi.org/10.5073/vitis.2022.61.93-100>.
- Echeverrigaray, S., Scariot, F.J., Fontanella, G., Favaron, F., Sella, L., Santos, M.C., Schwambach, J., Pedrotti, C., and Delamare, A.P.L. (2020). *Colletotrichum* species causing grape ripe rot disease in *Vitis labrusca* and *V. vinifera* varieties the highlands of southern Brazil. *Plant Pathol.* 69 (8), 1504–1512 <https://doi.org/10.1111/ppa.13240>.
- Eibach, R., Zyprian, E., Welter, L., and Topfer, R. (2007). The use of molecular markers for pyramiding resistance genes in grapevine breeding. *Vitis* 46, 120–124.
- Foria, S., Magris, G., Jurman, I., Schwöpe, R., De Candido, M., De Luca, E., Ivanišević, D., Morgante, M., and Di Gaspero, G. (2022). Extent of wild-to-crop interspecific introgression in grapevine (*Vitis vinifera*) as a consequence of resistance breeding and implications for the crop species definition. *Hortic Res* 9, uhab010 <https://doi.org/10.1093/hr/uhab010>. PubMed
- Greer, L.A., Harper, J.D.I., Savocchia, S., Samuelian, S.K., and Steel, C.C. (2011). Ripe rot of south-eastern Australian wine grapes is caused by two species of *Colletotrichum*: *C.*

acutatum and *C. gleosporioides* with differences in infection and fungicide sensitivity. Aust. J. Grape Wine Res. 17 (2), 123–128 <https://doi.org/10.1111/j.1755-0238.2011.00143.x>.

Jang, M.H., Moon, Y.S., Noh, J.H., Kim, S.H., Hong, S.K., and Yun, H.K. (2011). In vitro evaluation system for varietal resistance against ripe rot caused by *Colletotrichum acutatum* in grapevines. Hortic. Environ. Biotechnol. 52 (1), 52–57 <https://doi.org/10.1007/s13580-011-0190-9>.

Mirica, I.I. (1994). Ripe rot. In Compendium of Grape Diseases, R.C. Pearson, and A.C. Gohen, eds. (St. Paul, MN, USA: Amer. Phytopathol. Soc. Press), p.18–19.

Mortensen, J.A. (1971). Breeding grapes for central Florida. (1971). HortScience 6 (2), 149–153 <https://doi.org/10.21273/HORTSCI.6.2.149>.

R. Core Team. (2023). R: a Language and Environment for Statistical Computing (Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing), <https://www.R-project.org/>.

Shiraish, et al. (2006). Rapid screening assay for ripe rot resistance in grape cultivars. HortScience 75, 264–266.

VIVC (Vitis International Variety Catalogue). <http://www.vivc.de/index.php?r=passport%2Fview&id=4572>.

Wang, Y., Liu, Y., He, P., Lamikanra, O., and Lu, J. (1998). Resistance of Chinese *Vitis* species to *Elsinoe ampelina* Shear. HortScience 33 (1), 123–126 <https://doi.org/10.21273/HORTSCI.33.1.123>.

CAPÍTULO 5 – ASSOCIATION OF GRAPE BERRY MORPHO-ANATOMY AND POLYPHENOL CONTENT WITH THE SEVERITY OF GRAPE RIPE ROT

Formatted to submission to Plant Pathology

ABSTRACT

Grape ripe rot (GRR), primarily caused by *Colletotrichum* species, severely affects grape production and wine quality, especially under the favorable climatic conditions of southern Brazil. This study aimed to investigate the relationship between berry skin morpho-anatomical traits, polyphenol content, and GRR severity in 13 grapevine genotypes. Pathogenicity bioassays were conducted using an isolate from the *C. acutatum* species complex, applied under various inoculation methods across four crop seasons (2019–2022). Scanning electron microscopy (SEM) revealed clear structural degradation in symptomatic berries, particularly in susceptible varieties like Sauvignon Blanc and Merlot. Conversely, resistant genotypes such as PI4407 and Bronner exhibited thicker cuticles and intact epidermal layers. Biochemical analysis showed that polyphenol content tended to increase in response to higher disease severity, especially in Regent and Prior. However, naturally resistant varieties like Concord and Calardis Blanc maintained low disease progression and low polyphenol accumulation, suggesting alternative defense mechanisms. Statistical analysis of the Area Under the Disease Progress Curve (AUDPC) and polyphenol concentration confirmed genotype-specific responses to infection and stress. These findings reinforce the potential of combining anatomical and biochemical markers to guide breeding programs and improve disease management strategies in viticulture.

Keywords: *Colletotrichum spp.*, grape ripe rot, scanning electron microscopy, polyphenols, host resistance

8.1 INTRODUCTION

Producers consider grape ripe rot (GRR) to be one of the most significant challenges in grape production, as it directly impacts wine quality and costs. The climatic conditions in southern Brazil favor the occurrence of this disease and its adverse effects on vineyards (Chavarria et al., 2007). Consequently, this region is regarded as marginal for producing grapes intended for fine wines based on the current varieties. A genetic solution to this issue would be highly advantageous, enabling complete grape ripening and, as a result, improved wine quality (Shiraishi et al., 2007). Furthermore, it would ensure productivity, as this disease causes substantial berry losses in some years.

Viticulturists face two scenarios in front of the occurrence of GRR: harvesting grape bunches before they reach physiological maturity, resulting in raw material that lacks the necessary quality for winemaking (Tonietto, 2003); tentatively preventing the progression of the disease through multiple fungicide spraying without certainty. From an economic perspective, this represents a significant portion of grape production costs (Hilha et al., 2024), as it involves not only the fungicides themselves but also expenses related to fuel, labor, and machinery maintenance.

Beyond these challenges intrinsic to grape production, there are negative externalities, including environmental impacts and the reduced quality of products generated by the wine sector (Soares; De Souza Porto, 2009). Additionally, the spraying operations contribute to greenhouse gas emissions, exacerbating climate change (Lamichhane et al., 2015). These issues are further amplified as the area cultivated with wine grape varieties expands. Such challenges highlight the urgent need to strengthen local grapevine breeding programs, particularly those focused on resistance to prevalent diseases (Guzmán-Ardiles et al., 2023). It is also noteworthy that fungicide application alone does not always successfully halt the progression of GRR.

Addressing this issue requires further support for the development and adoption of genetic improvement strategies and management practices. Key areas of focus include the characterization of the pathogens involved and the study of the morphology and histology of disease symptoms (reviewed by Da Silva et al., 2020; Deng et al., 2020). Notably, since disease severity varies among grape varieties, identifying a strong association between one or more easily measurable phenotypic traits such as berry skin characteristics (Leão et al., 2005), could serve as an indirect selection criterion for breeding programs.

The advances in knowledge generated by the present study may be valuable for selecting parent plants for breeding programs aimed at developing new grapevine varieties, choosing varieties for future plantings, and optimizing management practices. All these efforts focus on mitigating the severity and impacts of GRR. In this context, the objective of the present study was to analyze the association between the morpho-anatomical characteristics and the polyphenol content of grape berries with the severity of *Colletotrichum* spp. infection across different grapevine genotypes.

8.2 MATERIALS AND METHODS

8.2.1 Varieties used in the present study

Thirteen grape varieties were selected based on their varying levels of GRR susceptibility and genetic diversity, as observed in preliminary field trials (Table 1), in the vineyard of the EPAGRI Videira Experiment Station (-27°00' S, -51°09' W, 840 m.a.s.l.), located in the Santa Catarina Plateau. The climate in this region is classified as Cfb according to the Köppen classification system, which corresponds to a humid temperate climate with no distinct dry season and mild summers (Alvares et al., 2013).

8.2.2 Pathogenicity Bioassay

The used isolate GL_VI_19 was identified as pathogenic and molecularly assigned to the *Colletotrichum acutatum* complex. Preserved on filter paper in a gerbox containing silica at -20 °C, the isolate was transferred to PDA medium at an appropriate time. It was incubated at

25 °C with a 12-h photoperiod for seven days to prepare a conidial suspension at a concentration of 6×10^6 conidia/mL.

Overall, it was evaluated for the 13 grape varieties (Table 1), two inoculation methods (with or without wounding), and the presence or absence of grape juice during inoculation, with sterilized water serving as the control. Ten berries at the physiological ripeness stage and free of disease symptoms were used for each treatment: T1** – Control with wound and water (w/W + H₂O); T2** – Control without wound and with water (w/oW + H₂O); T3 – With wound and conidia suspension (w/W + CoS); T4 – Without wound and with conidia suspension (w/oW + CoS); T5 – With wound and grape juice (w/W + GJ); T6 – With-out wound and with grape juice (w/oW + GJ); T7 – With wound, grape juice, and conidia sus-pension (w/W + GJ + CoS); T8 – Without wound, with grape juice and conidia suspension (w/oW + GJ + CoS). T1 and T2, being control treatments without the presence of conidial suspension (with and without wounding), were not included in all the graphs presented.

The bioassay was conducted across four consecutive crop seasons: 2018/2019, 2019/2020, 2020/2021, and 2021/2022. Before inoculation, the berries were disinfected by immersion in a 70% v/v ethyl alcohol solution for 1 min, followed by a 0.5% v/v sodium hypochlorite (NaClO) solution for 5 min, and then rinsed three times with sterilized water. After drying, the berries were inoculated with the 6×10^6 conidia/mL suspension of the GL_VI_19 isolate according to the assigned treatment. After inoculation, the berries were placed in containers lined with cotton to simulate a humid chamber. The disease severity was assessed daily for 8 days by measuring the diameter of lesions caused by *Colletotrichum* spp. using a caliper to monitor disease progression (Echeverrigaray et al., 2020).

8.2.3 Morphological and Anatomical Analysis

Morphological analysis was conducted on grape berries, with three healthy berries from each variety collected at physiological ripeness, alongside three berries showing symptoms of GRR. The symptomatic berries were sourced from Treatment 2 (non-wounded and with

conidial suspension). Healthy berries were collected directly from the field, cut near the pedicel, and immediately stored in Falcon tubes containing a fixation solution.

Morphological and anatomical analyses were performed exclusively on berries from the 2021/2022 crop season. The evaluation included an analysis of pathogen penetration through the cuticle, both with and without the prior formation of appressorium-type structures.

To the Scanning Electron Microscopy (SEM) Analysis, the berries were placed in Falcon tubes and fixed in Karnovsky solution (2.5% glutaraldehyde, 8% paraformaldehyde, and 0.2 M sodium cacodylate buffer at pH 7.4). In the laboratory, they were left in a vacuum desiccator for 48 h and then washed in phosphate buffer for 30 min (adapted from Bouzon, 2006), dehydrated in a series of ethanol concentrations (30°, 50°, and 70%) (Sanders et al., 1999), and stored in 70° GL alcohol under refrigeration (4°C) (Johansen, 1940). Before analysis, the samples underwent dehydration in a series of ethanol solutions (80°, 90°, 95°, and 100°) with regular 1 h intervals between each alcohol change. The ethanol was then replaced by liquid carbon dioxide in the critical point dryer chamber (EM CPD 030 / LEICA). Next, the samples were mounted on stubs with double-sided carbon tape and subjected to gold coating via sputtering (EM SCD 500 / LEICA). The analyses were performed using a scanning electron microscope (JEOL JSM-6390LV), with an electron acceleration voltage of 8 a 15 kV, and the images were captured digitally using the program (JEOL/EO1.0) associated with the equipment.

8.2.4 Content of Polyphenols

At the time of physiological maturation, four bunches per variety were collected from each of the five blocks, in liquid form, in duplicate. The bunches were taken to the Physical and Chemical Analysis Laboratory (EPAGRI), de-hulled, placed in plastic bags, and stored in a freezer until evaluation. Subsequently, the samples were thawed at room temperature, and 50 g of skin from each sample were weighed for biochemical analysis of total polyphenols. The concentration of total polyphenols in the effluent samples was determined by

spectrophotometry using the Folin-Ciocalteu colorimetric method. This method employs a reagent of the same name, consisting of phosphotungstic acid ($\text{H}_3\text{PW}_{12}\text{O}_{40}$) and phosphomolybdic acid ($\text{H}_3\text{PM}_{12}\text{O}_{40}$), which, upon oxidizing phenols, reduce tungsten oxide (W_8O_{23}) and molybdenum oxide (Mo_8O_{23}), producing a blue coloration.

The methodology, as proposed by Ribereau-Gayon et al. (1998), begins with the dilution of the sample in a 1:10 ratio in a volumetric flask (1 mL of sample and 9 mL of ultrafiltered water). In another 10 mL volumetric flask, 7.9 mL of ultrafiltered water is pipetted, followed by the addition of 0.10 mL of the previously diluted 1:10 sample, 0.5 mL of the Folin-Ciocalteu reagent, and, after 3 min, 1.5 mL of 20% sodium carbonate. The solution is then homogenized, and the volumetric flask, wrapped in aluminum foil, is placed in a dark location for two hours. Finally, the absorbance is measured using a spectrophotometer at 760 nm. The spectrophotometer reading at 760 nm is multiplied by ten to represent the true concentration of total polyphenols in the effluent, accounting for the dilution step in the protocol. The concentration was calculated using the formula: $y=0.0025x-0.0032$, where x is the concentration of total polyphenols expressed in catechin equivalents (mg/L).

8.2.5 Statistical Analysis

The values obtained from the measurement of quantitative characteristics in the pathogenicity bioassay were first subjected to homogeneity and homoscedasticity tests. Subsequently, an analysis of variance (ANOVA) was performed to evaluate interactions, followed by a comparison of means using the Scott-Knott test at a significance level of 5%. Area Under the Disease Progress Curve contrast analysis was performed. All analyses were conducted using R Studio Software (R Core Team, 2018).

8.3 RESULTS

8.3.1 Pathogenicity

Control treatments consistently exhibited no disease development throughout the evaluations, confirming uniform and reliable assay conditions for assessing treatment effects.

The Area Under the Disease Progress Curve (AUDPC) values revealed significant differences among grape varieties, reflecting their distinct responses to the treatments (Figure 1).

In the 2021 and 2022 growing seasons, the Felicia, Concord, Calardis Blanc, and Bronner varieties showed notably lower AUDPC values under treatment T3 (wounded fruits + grape juice) compared to the other genotypes. Similarly, when exposed to T4 (unwounded fruits + grape juice), these same varieties also exhibited reduced GRR disease progression. Even in the absence of wounding, the mere contact with grape juice appeared to limit disease development in these varieties. Across all evaluated seasons, T4 consistently resulted in lower disease severity.

Among all genotypes, the varieties that consistently showed the lowest AUDPC values were *V. shuttleworthii* PI4407, Concord, Poloskei Muskotaly, Regent, Prior, and Merlot. Conversely, inoculation without grape juice but with wounding (T3) led to the most severe development of grape ripe rot symptoms in Regent and Souvignier Gris. The highest AUDPC values were recorded for Felicia, Calardis Blanc, Concord, and Bronner under treatments T7 (wounded fruits + grape juice + conidial suspension) and T8 (unwounded fruits + grape juice + conidial suspension). These two treatments consistently induced elevated GRR disease progression over the four-year period, indicating that the combination of grape juice and conidial suspension plays a critical role in promoting disease development.

8.4.2 Morphological and Anatomical Analysis

Scanning electron microscopy (SEM) revealed distinct differences in cellular structure between grape berries with and without GRR symptoms (Figures 2 and 3). Grapes exhibiting symptoms showed pronounced epidermal disorganization, consistent with fungal degradation, while asymptomatic grapes maintained intact and well-organized cellular structures.

In symptomatic berries, Regent (Figure 2a) exhibited a disorganized epidermis with irregular texture, signs of cellular breakdown, and accumulation of biological residues. Concord

(Figure 2b) showed a porous and cracked skin surface, characteristic of fungal infection. Similarly, Felicia (Figure 2c) presented marked cellular disruption and surface damage. Merlot (Figure 2d) showed disintegration of the cell wall, likely due to pathogen invasion. The same signs of cellular degradation were observed in Sauvignon Blanc (Figure 2e) and Poloskei Muskotaly (Figure 2f), indicating high susceptibility to fungal entry.

In contrast, Souvignier Gris (Figure 2g) and Prior (Figure 2h) showed no evident cellular degradation despite visible GRR symptoms, possibly due to a thicker cuticle and epidermis, which may limit pathogen penetration. Bronner (Figure 2i) exhibited partially compromised structure with some preserved layers, suggesting moderate resistance to GRR. Conversely, Helios (Figure 2j) showed extensive fragmentation and epidermal collapse, indicating high susceptibility. Similarly, Niagara Rosada (Figure 2k) and Calardis Blanc (Figure 2l) exhibited severe cellular disorganization and internal rupture. It is noteworthy that Souvignier Gris, even under disease symptoms, appeared to reinforce its cuticle structure—likely as a defense mechanism.

In contrast, SEM images of healthy berries confirmed preserved cellular architecture. Regent, Concord, Felicia, Merlot, and Sauvignon Blanc (Figures 3a–3e) showed intact, uniform cell walls, indicating healthy tissue free from rot. *V. shuttleworthii* PI4407 (Figure 3f) demonstrated a notably thick and well-preserved cuticle, making it one of the structurally most resistant varieties analyzed. Poloskei Muskotaly (Figure 3g) and Souvignier Gris (Figure 3h) also maintained organized tissue, with Souvignier Gris displaying enhanced cuticle thickness, possibly acting as a barrier to infection.

Other varieties such as Prior, Bronner, Helios, Niagara Rosada, and Calardis Blanc (Figures 3i–3m) maintained normal epidermal structure in the absence of symptoms. However, due to their thinner cuticle layers, they may be structurally more vulnerable under pathogen pressure. Among the symptomatic samples, varieties like Felicia and Concord exhibited more

advanced tissue collapse, indicating lower resistance to GRR. On the other hand, *V. shuttleworthii* PI4407 stood out for its intact epidermal and cuticle structures, supporting its classification as a resistant genotype.

8.4.3 Total Polyphenols

The 2019 crop season revealed that Sauvignon Blanc had the highest total polyphenol concentration (333.32 µg/g), though with a broad confidence interval. In contrast, Bronner, Felicia, Helios, and Sauvignier Gris displayed significantly lower levels (20–40 µg/g; Table 1S). In subsequent years, Regent and Prior consistently stood out, reaching peak values in 2020 (5,656.67 µg/g) and 2021 (4,847.69 µg/g), and maintaining high levels in 2022.

Souvignier Gris consistently showed the lowest polyphenol content across all years, while Sauvignon Blanc exhibited strong interannual variability (359.22 to 219.28 µg/g). Other varieties such as Poloskei Muskotaly, PI4407, and Calardis Blanc generally had low concentrations. Varieties like Bronner, Felicia, and Merlot showed intermediate values that fluctuated with climatic conditions.

Among all genotypes, Regent and Prior demonstrated the greatest polyphenol accumulation, making them promising candidates for high polyphenol production. In contrast, Sauvignon Blanc and Souvignier Gris were not only consistently low in polyphenols but also more susceptible to GRR.

Annual variation significantly affected polyphenol concentrations (Figure 4). In 2019, levels were generally low, with Prior and Regent as exceptions. A marked increase was observed in 2020, especially in Regent (>6,000 µg/g), followed by Prior. The same pattern persisted in 2021 and 2022, though most varieties maintained low and stable concentrations throughout.

8.4.4 Disease Progression versus Polyphenols

Figure 5 shows a scatter plot illustrating the relationship between the Area Under the Disease Progress Curve (AUDPC) and polyphenol concentrations across four crop seasons. The

results indicate that disease progression varies depending on both treatment and polyphenol levels. Each treatment exhibits a distinct pattern, reflecting differences in the plant's response to infection.

In T3 (wounded fruits + conidial suspension), AUDPC values tend to increase at lower polyphenol concentrations, with slight seasonal variations. In contrast, T4 (unwounded fruits + conidial suspension) shows reduced AUDPC, suggesting that wounding is a key factor in disease severity—even when polyphenol levels are low. These two treatments served as controls for the presence or absence of injury.

For T5 (wounded fruits + grape juice), moderate to high polyphenol concentrations appeared to limit disease progression, although wounding still intensified symptoms, particularly in years with lower polyphenol content. T6 (unwounded fruits + grape juice) consistently led to lower AUDPC values at higher polyphenol concentrations, indicating a more protective effect. These two treatments served as controls of T7 and T8, respectively. T7 (wounded fruits + grape juice + conidial suspension) showed the highest AUDPC at low polyphenol levels, with marked variation across seasons. In contrast, T8 (unwounded fruits + grape juice + conidial suspension) had more consistent and lower AUDPC values.

Seasonal trends reveal that 2019 had the lowest polyphenol concentrations and highest AUDPC values, especially in wounded treatments (T3, T5, T7). In 2020, polyphenol levels increased, resulting in reduced GRR disease progression. Similar patterns occurred in 2021 and 2022, with 2022 showing the highest polyphenol concentrations and lowest disease levels. Across all years, treatments involving wounding were associated with greater disease severity, while treatments without wounding and with higher polyphenol content were more effective in suppressing GRR symptoms.

Notably, AUDPC values were highest at polyphenol concentrations below 1000 $\mu\text{g/g}$ —especially in T3, T5, and T7. At moderate levels (3000–5000 $\mu\text{g/g}$), disease progression

decreased, particularly in T4, T6, and T8. Treatments without wounding exhibited more consistent disease suppression, highlighting the protective role of polyphenols and the influence of tissue integrity.

8.5 DISCUSSION

Varieties that consistently exhibited lower AUDPC values across all treatments and years suggest the presence of genetic resistance to grape ripe rot (GRR). Conversely, varieties with higher AUDPC values across multiple treatments indicate greater susceptibility. Treatments T7 and T8, which combine grape juice and conidial suspension, consistently resulted in lower AUDPC values, suggesting potential synergistic effects that warrant further investigation. Using grape juice did not enhance the efficiency of the inoculation process. Instead, it decreased the severity of the disease across time.

Mechanical wounding during infection (T3 and T7) clearly increased susceptibility to GRR, reinforcing previous findings that physical damage facilitates pathogen entry and disease progression. Previously, Vargas et al. (2001) demonstrated that mechanical wounding can significantly increase the variety's susceptibility to fungal diseases. Therefore, viticultural practices that minimize berry damage, such as manual harvesting and integrated pest management, are essential to reducing *Colletotrichum* spp. infection.

Scanning electron microscopy (SEM) provided microstructural insights into grape resistance mechanisms. Susceptible varieties (e.g., Sauvignon Blanc) displayed severe epidermal disorganization and cell wall rupture, facilitating pathogen entry. In contrast, resistant varieties (e.g., Souvignier Gris) maintained intact cellular structures even with symptoms, likely due to thicker cuticles and stronger epidermal layers. Intermediate responses were observed in varieties such as Bronner, which showed partial damage, suggesting moderate resistance. In general, there are pre-existing structural and defense mechanisms in plants that contribute to partial resistance against pathogens (Pascholati and Dalio, 2018).

Cuticle and epidermis integrity were central to limiting infection and water loss. In symptomatic berries from Felicia and Concord, the degradation of these layers indicated compromised defense. SEM images of infected grapes confirmed fungal infiltration, often leading to epidermal collapse. These findings highlight the importance of structural barriers in GRR resistance.

Polyphenol production was also linked to disease resistance. Varieties like Bronner, Felicia, and Concord, which exhibited low AUDPC values, also had low total polyphenol concentrations. In this case, results suggested an effective defense such as natural resistance that reduced the need for biochemical responses (Miedes et al., 2014). In contrast, Regent and Prior showed high polyphenol levels in response to disease pressure, indicating active biochemical defense mechanisms. These varieties produced the highest polyphenol concentrations, particularly in 2020 and 2021, with Regent exceeding 5,000 $\mu\text{g/g}$. These results agree since when a plant is attacked by a fungus, it can produce more polyphenols as a defensive response (Dixon and Paiva, 1995).

Susceptible varieties such as Sauvignon Blanc, Merlot, and Niagara Rosada demonstrated high AUDPC values and low polyphenol production across crop seasons, reflecting poor structural and biochemical defenses. These results suggest that while some varieties rely primarily on structural barriers, others respond to infection with increased polyphenol synthesis.

Environmental conditions influenced polyphenol levels. In 2019, concentrations were generally low, except for Sauvignon Blanc. A notable increase occurred in 2020, particularly in Regent and Prior, likely due to environmental stress or disease severity. This trend continued in 2021. Although some varieties like Bronner and Felicia also increased polyphenol production, their levels remained moderate, indicating a less vigorous defense response.

SEM and polyphenol data were aligned in several cases. Regent and Felicia showed marked structural differences between healthy and symptomatic samples. Concord exhibited cellular disruption under disease, while Merlot displayed extensive epidermal degradation. Sauvignon Blanc and Niagara Rosada showed high AUDPC values and poor cellular integrity, even without symptoms, indicating low resistance. Felicia, despite low AUDPC values, exhibited moderate structural damage and moderate polyphenol production, suggesting a balanced defense strategy.

Overall, the integration of disease progression data (AUDPC), polyphenol concentration, and anatomical surveillance offers a comprehensive understanding of GRR resistance in grape varieties. Varieties like Regent and Prior combine strong biochemical responses with moderate structural defenses, while Bronner and Souvignier Gris rely more on anatomical resistance. These insights are valuable for breeding programs targeting durable GRR resistance and enhanced fruit quality.

In the present study it was used an isolate from *C. acutatum*. Taken into account that several *Colletotrichum* species cause ripe rot symptoms (Batista et al., 2023; Echeverrigaray et al., 2020) a caution should be placed regarding similar responses of isolates from other *Colletotrichum* species inoculated with the same used protocol.

8.6 CONCLUSIONS

The anatomical analysis of grape berries revealed a direct relationship between cellular degradation and the presence of *Colletotrichum* spp., providing valuable insights into the structural responses associated with grape ripe rot. These findings are essential for guiding agricultural practices that enhance plant resistance and reduce production losses. Fungal mycelium and pathogenic structures were observed in susceptible varieties, indicating cellular infiltration and extensive damage, including disorganization and collapse of the epidermis and cuticle layers.

Polyphenol concentrations varied considerably across seasons for most varieties, with the exception of 'Regent' and 'Prior', which consistently exhibited the highest levels over four crop years. The data suggest that grape varieties with high disease progression (high AUDPC values) tend to activate polyphenol synthesis as a defense mechanism. However, in highly susceptible varieties, this response appears insufficient, as both AUDPC and polyphenol levels remain high and low, respectively. In contrast, some varieties—such as *V. shuttleworthii*—demonstrate alternative resistance mechanisms that do not rely on polyphenol accumulation.

In summary, 'Regent', 'Prior', and 'Bronner' displayed partial resistance, characterized by low AUDPC values, preserved cellular integrity, and elevated polyphenol concentrations. 'Felicia' and 'Helios' showed moderate resistance, with intermediate polyphenol levels and less severe cellular damage. On the other hand, 'Sauvignon Blanc', 'Souvignier Gris', 'Niagara Rosada', and 'Poloskei Muskotaly' were classified as highly susceptible, exhibiting high disease progression, significant cellular degradation, and low polyphenol production.

These findings reinforce the importance of both anatomical and biochemical defenses in GRR resistance and highlight candidate varieties for breeding programs aimed at enhancing disease resilience and fruit quality.

REFERENCES

- ALVARES, Clayton Alcarde; STAPE, José Luiz; SENTELHAS, Paulo Cesar; MORAES, Gonalo; LEONARDO, Jos ; SPAROVEK, Gerd. K ppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- BATISTA, Darlan Dantas; VIEIRA, Wiliam Anderson dos Santos; BARBOSA, Maria Ang lica Guimar es; C MARA, Maria Paz Saraiva. First report of *Colletotrichum siamense* causing grape ripe rot in Brazil. *Plant Disease*, v. 107, p. 2881, 2023.
- BOUZON, **Zenilda L cia**. Histoqu mica e ultra-estrutura da ontog nese dos tetraspor ngios de *Hypnea musciformis* (Wulfen) J. V. Lamour. (*Gigartinales*, *Rhodophyta*). *Revista Brasileira de Bot nica*, v. 29, p. 229-238, 2006.
- CHAVARRIA, Geraldo; SANTOS, Helder Pereira dos; FIORESE, David Jos ; VIVIAN, Ricardo; WOBETO, Cleverson. Incid ncia de doenas e necessidade de controle em cultivo protegido de videira. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 29, p. 477-482, 2007.
- DA SILVA, Leandro Lopes; BARBOSA, Mario Augusto Gonalves; CAMARA, Marcio Paz Saraiva. *Colletotrichum*: species complexes, lifestyle, and peculiarities of some sources of genetic variability. *Applied Microbiology and Biotechnology*, v. 104, p. 1891-1904, 2020.
- DENG, Yiwen; YANG, Ting; HU, Yu; ZHANG, Fang; WANG, Chuanlin; MAO, Lijun. Molecular basis of disease resistance and perspectives on breeding strategies for resistance improvement in crops. *Molecular Plant*, v. 13, n. 10, p. 1402-1419, 2020.
- DIXON, Richard Allen; PAIVA, Nancy Lydia. Stress-induced phenylpropanoid metabolism. *The Plant Cell*, v. 7, n. 7, p. 1085–1097, 1995. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.7.7.1085>.

ECHEVERRIGARAY, Sergio; CAZELLA, Luciane Nunes; SCHEIDT, Guilherme Nesi; PENHA, Daniele; MALLMANN, Dionea. *Colletotrichum* species causing grape ripe rot disease in *Vitis labrusca* and *V. vinifera* varieties in the highlands of southern Brazil. *Plant Pathology*, v. 69, n. 8, p. 1504-1512, 2020.

GUZMÁN-ARILES, Ruth Elena; HERNÁNDEZ, Jorge; PÉREZ, Jonatan; CÁCERES, Francisco; DUBOIS, Olivier; DÍAZ, Marcela. Genetic changes in the genus *Vitis* and the domestication of vine. *Frontiers in Plant Science*, v. 13, p. 1019311, 2023.

HILHA, Andressas; ANDRADE, Claudio Eduardo Lemes; BURIN, Marceli Raquel; MEDEIROS, Renata Ferreira; ALMEIDA, Maila Peyrot *et al.* *Vitis* species and varietal resistance of mature berries against grape ripe rot. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON GRAPEVINE BREEDING, GENETICS AND MANAGEMENT, XIII., 2024, [s.l.]. *Acta Horticulturae*, v. 1385. ISHS, 2024.

JOHANSEN, Donald A. *Plant microtechnique*. New York: McGraw-Hill Book, 1940. 523 p.

LAMICHHANE, Jay Ram; BARZMAN, Marco; BOUBAKER, Mohemmed; BOZONNET, Sophie; BRUNEAU, Eve; MAURICE, Stéphane. Robust cropping systems to tackle pests under climate change: a review. *Agronomy for Sustainable Development*, v. 35, p. 443-459, 2015.

LEÃO, Ricardo Pedro; BASSOI, Luis Henrique; BORGES, Bruno Mário Moraes. *Viticultura tropical: manejo da videira para produção de uvas em regiões quentes do Brasil*. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2005. 33 p.

LEÃO, Ricardo Pedro; BASSOI, Luis Henrique; BORGES, Bruno Mário Moraes. The role

of the plant secondary cell wall in pathogen resistance. *Frontiers in Plant Science*, v. 5, p. 358, 2014. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00358>.

PASCHOLATI, Sergio Florentino; DALIO, Ronaldo José Durigan. Fisiologia do parasitismo: como as plantas se defendem dos patógenos. In: AMORIM, L. et al. *Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos*. v. 1. 5. ed. Ouro Fino: Agronômica Ceres, 2018. p. 185-198.

R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2017. Disponível em: <http://www.r-project.org>. Acesso em: 23 jul. 2025.

RIBÉREAU-GAYON, Pascal; DUBOURDIEU, Denis; DONÈCHE, Bernard; LONVAUD, Annick. *Traité d'œnologie: Tome 1 - Microbiologie du vin. Vinifications*. Paris: Dunod, 1998.

SANDERS, Paul M.; LEE, Peter Y.; BESSER, David; TRUONG, Minh Thai; PEACOCK, William; DENNIS, Elizabeth S.; KOLLMAN, Wolfgang. Anther developmental defects in *Arabidopsis thaliana* male-sterile mutants. *Sexual Plant Reproduction*, v. 11, p. 297-322, 1999.

SHIRAISHI, Mitsuo; FUKUDA, Hiroshi; YAMAMOTO, Toshihiko; ISHIMARU, Masahiro; YOSHINAGA, Koichiro. Screening for resistance to ripe rot caused by *Colletotrichum acutatum* in grape germplasm. *VITIS – Journal of Grapevine Research*, v. 46, n. 4, p. 196-197, 2007.

SOARES, Wagner Lopes; PORTO, Marcelo Firpo de Souza. Estimating the social cost of pesticide use: an assessment from acute poisoning in Brazil. *Ecological Economics*, v. 68, n. 10, p. 2721-2728, 2009.

TONIETTO, J. Clima. In: KUHN, G. B. (Ed.). *Uva para processamento: produção*. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. p. 27-33.

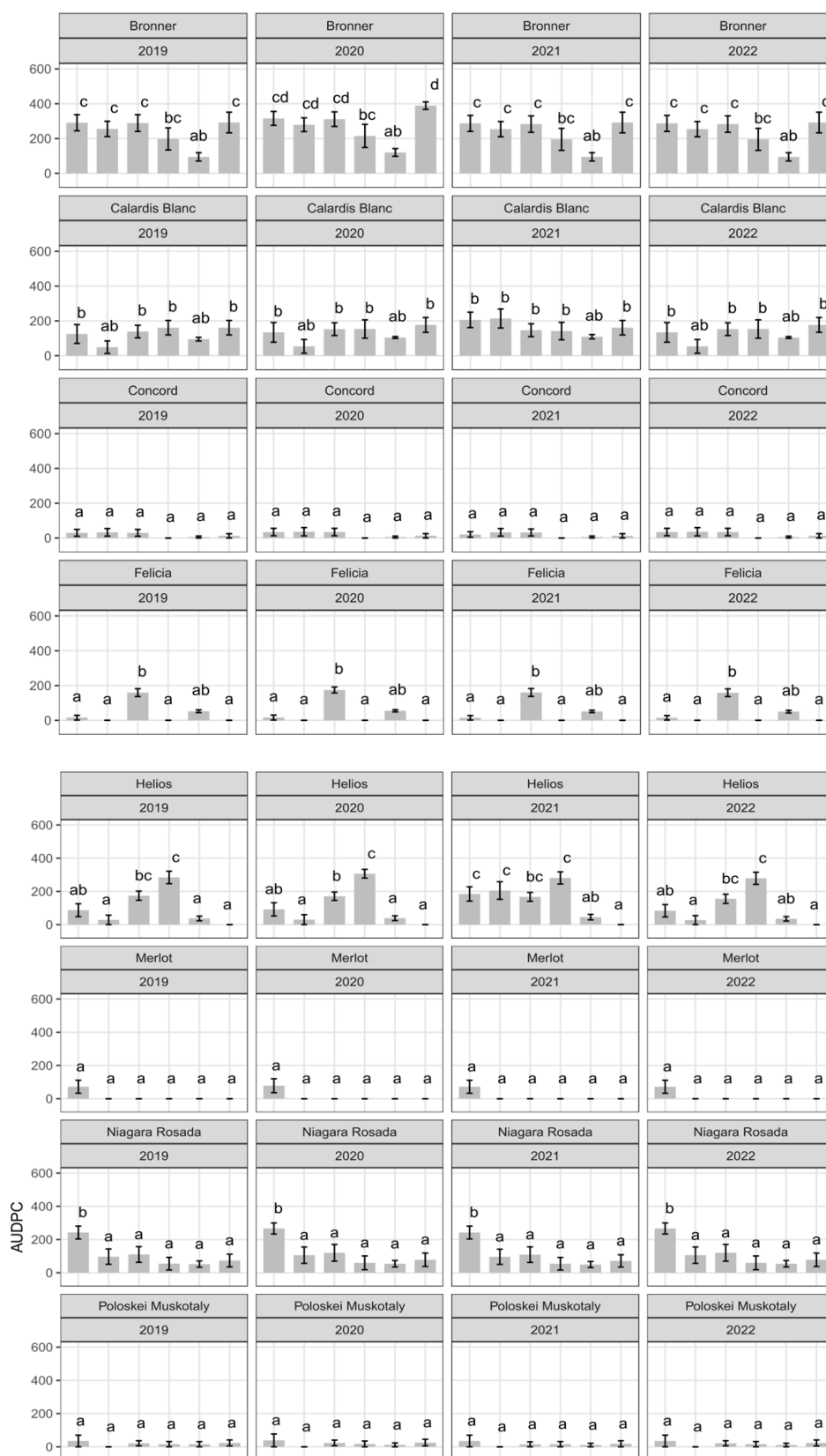
VARGAS, A.; PÉREZ, J.; ZOFFOLI, J.; PÉREZ, A. Study of two methods used to quantify the berry firmness of ‘Thompson’ seedless grapes. *Ciencia e Investigación Agraria*, v. 28, n. 1, p. 37-42, 2001. DOI: <http://dx.doi.org/10.7764/rcia.v28i1.433>.

VIVC – *Vitis International Variety Catalogue*. Disponível em: <http://www.vivc.de/index.php?r=passport%2Fview&id=4572>. Acesso em: 23 jul. 2025.

Table 1. Origin, genealogy and berry color of the grape varieties used in the present study.

Variety	Origin (Institute)	Genealogy (crossings)	Color of berry skin
Bronner	WBI	Merzling x Geisenheim 6494	White
Calardis Blanc	JKI	Calardis Musque x Seyve Villard 39-639	White
Felicia	JKI	Sirius x Vidal Blanc	White
Regent	JKI	Diana x Chambourcin	Black
Sauvignon Blanc	ND	Savagnin (= Traminer) x ?	White
Souvignier Gris	WBI	Seival Blanc x Zaehringer	Rose
Helios	WBI	Merzling x Freiburg -986-60	White
Merlot ²	ND	Magdeleine Noire des Charentes x Cabernet Franc	Black
Niagara Rosada	Privado	Mutação da espécie Niágara	Rose
Poloskei Muskotaly	HU	Zalagyoengye x GloriaHungariae Erzebet Kirylyne Emleke	White
Prior	WBI	Freiburg 4-61 x Freiburg – 236-75R	Black
Concord	ND	<i>Vitis labrusca</i> x <i>V. vinifera</i>	Black
PI4407*	Epagri	<i>Vitis shuttleworthii</i>	Black

PIWI; Inno Vitis - Itália; JKI – Alemanha; WBI- Alemanha; VCR (Vivai Cooperativi Rauscedo) - Itália; UD (Università degli Studi di Udine - Itália, HU - Hungria. Fonte: VIVC, 2018. ¹ – VIVC - ² – Boursiquot et al. (2009); População cultivada em SC*, ND - Não disponível.



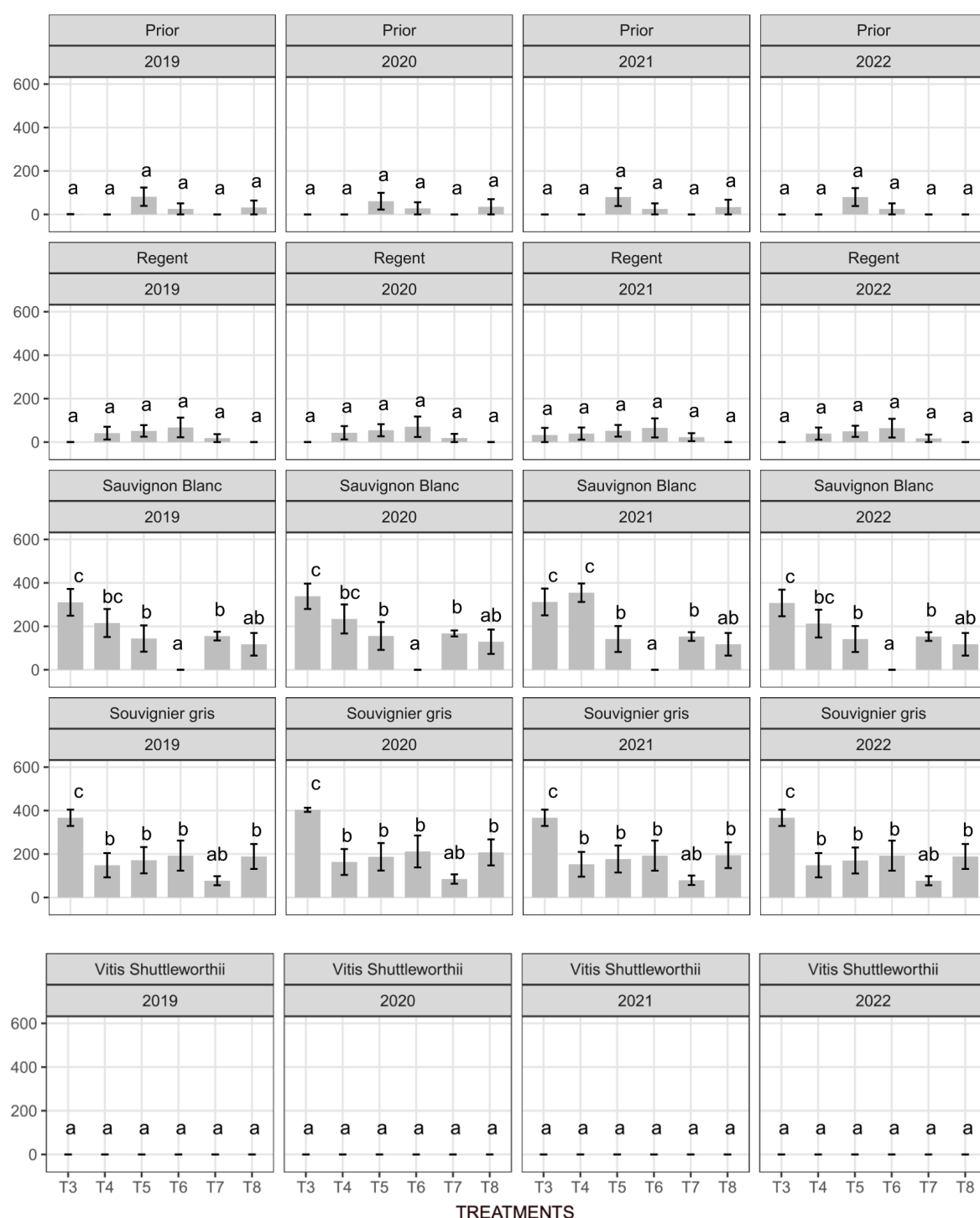


Figure 1. Area Under the Disease Progress Curve (AUDPC) for thirteen grape varieties across four harvests, under eight treatments. Means followed by the same letter do not differ statistically; different letters indicate significant differences in disease development. T1** – Control with wound and water (w/W + H₂O); T2** – Control without wound and with water (w/oW + H₂O); T3 – With wound and conidia suspension (w/W + CoS); T4 – Without wound and with conidia suspension (w/oW + CoS); T5 – With wound and grape juice (w/W + GJ); T6 – Without wound and with grape juice (w/oW + GJ); T7 – With wound, grape juice,

and conidia suspension (w/W + GJ + CoS); T8 – Without wound, with grape juice and conidia suspension (w/oW + GJ + CoS). T1 and T2 are not shown in the graph as they are control treatments without the presence of conidia suspension, with and without wounding.

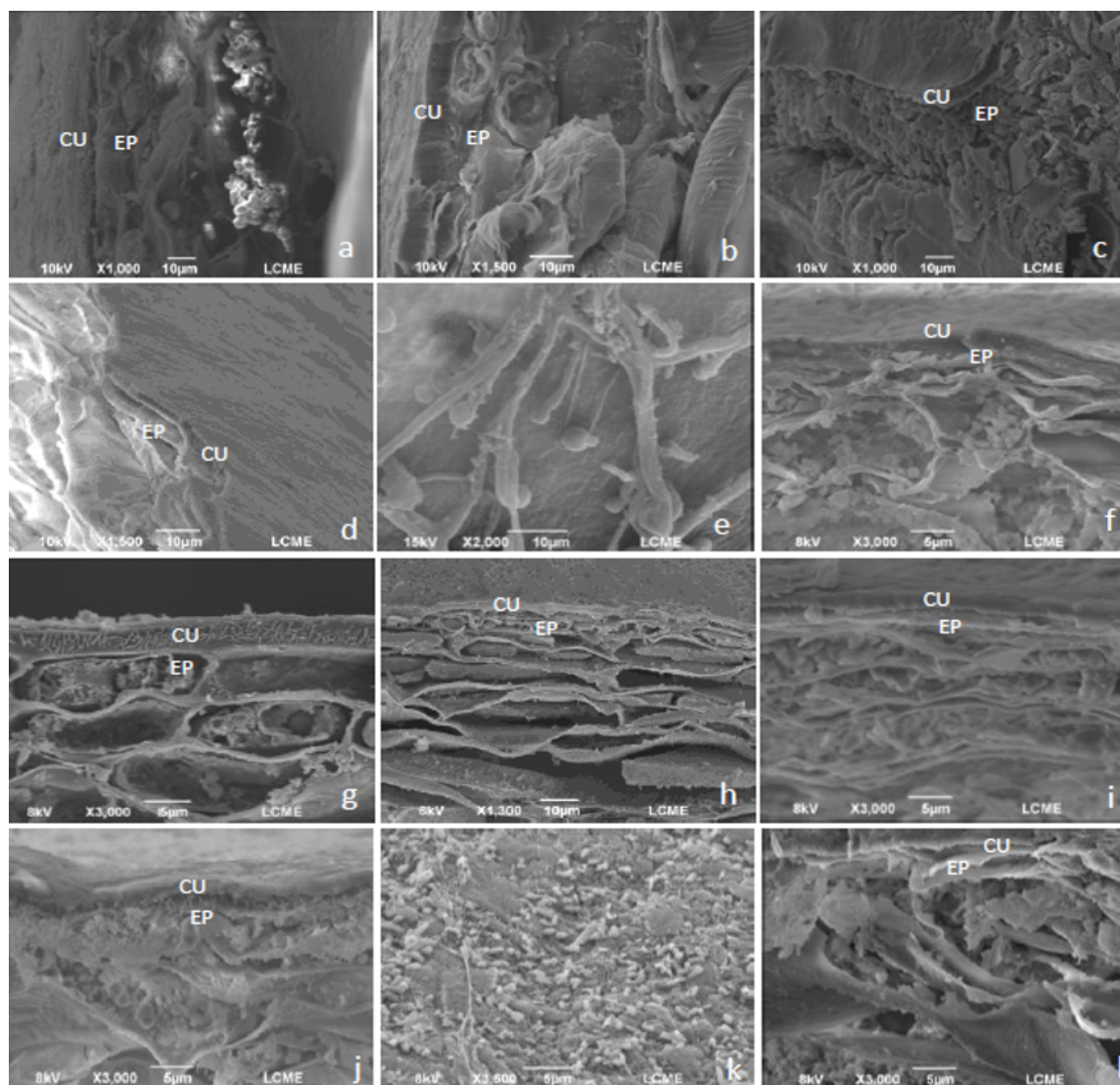


Figure 2. Scanning electron microscopy of berries of distinct grape varieties with symptoms of grape ripe rot. Varieties: a) Regent; b) Concord; c) Felicia; d) Merlot; e) Sauvignon Blanc; f) Poloskei Muskotaly; g) Sauvignier Gris; h) Prior; i) Bronner; j) Helios; k) Niagara Rosada; l) Calardis Blanc. CU – Cuticle; EP – Epidermis.

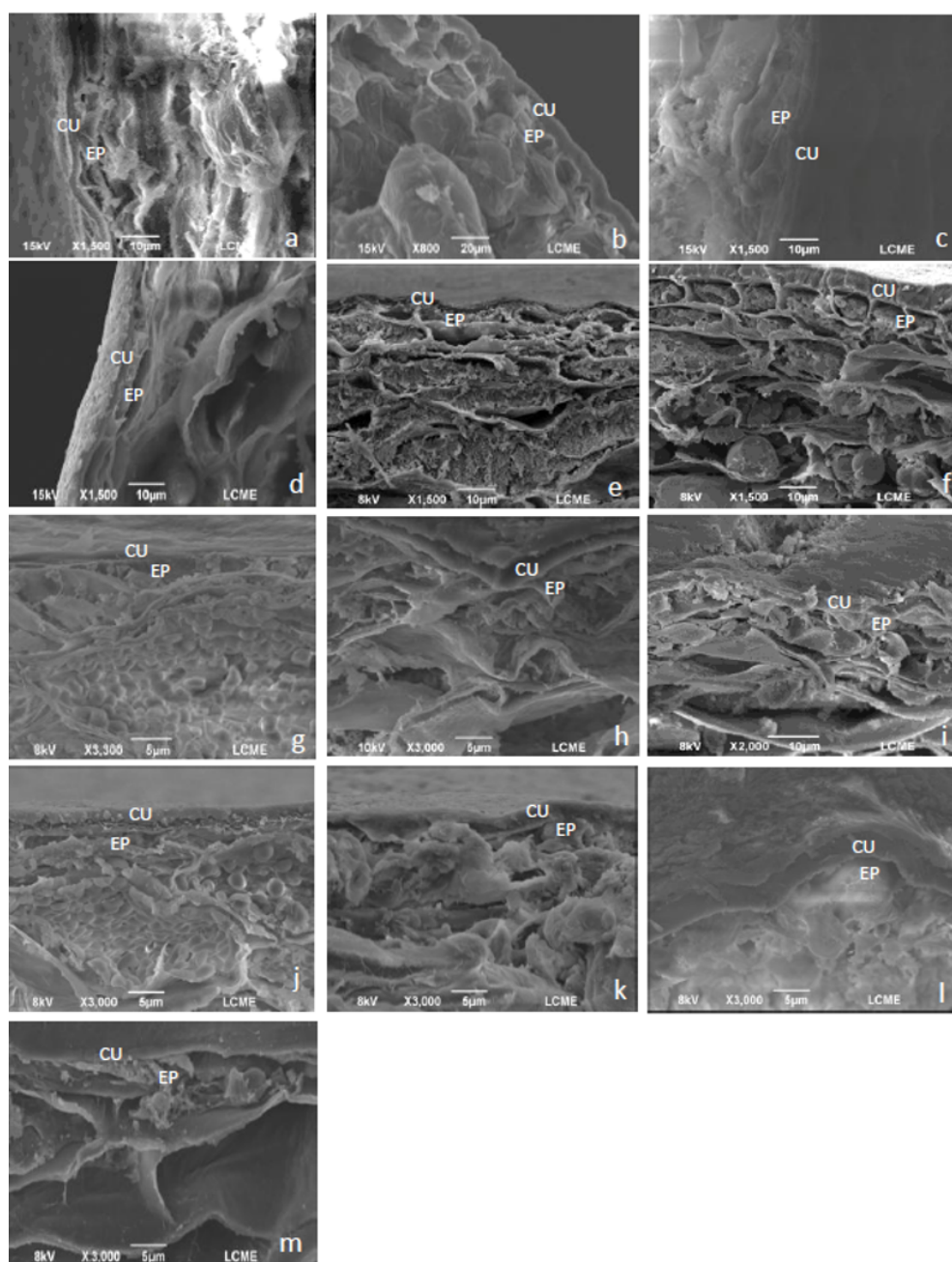


Figure 3. Scanning electron microscopy of berries of distinct grape varieties without symptoms of grape ripe rot. Varieties. a) Regent; b) Concord; c) Felicia; d) Merlot; e) Sauvignon Blanc; f) PI4407; g) Poloskei muskotaly; h) Sauvignier Gris; i) Prior; j) Bronner; k) Helios; l) Niagara Rosada; m) Calardis Blanc. CU – Cuticle; EP – Epidermis

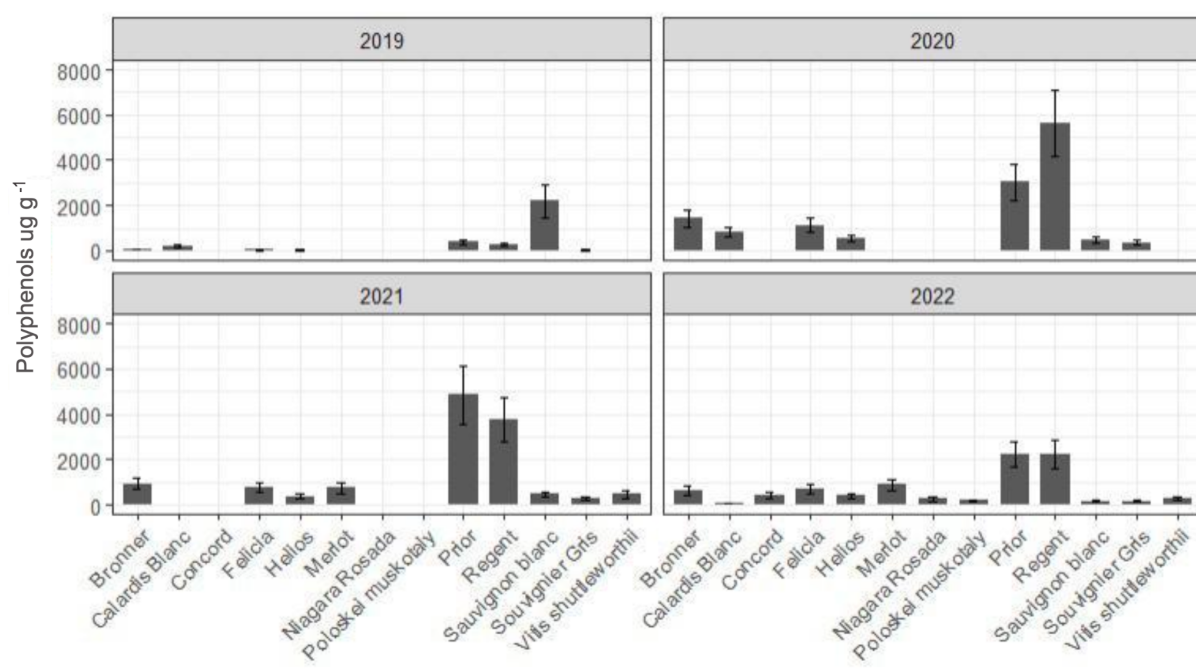


Figure 4. Total polyphenols concentration in 13 grapevine varieties cultivated in a vineyard in Videira, Santa Catarina, Brazil, across 2019-2022 crop seasons. Vertical lines represent upper and lower error intervals.

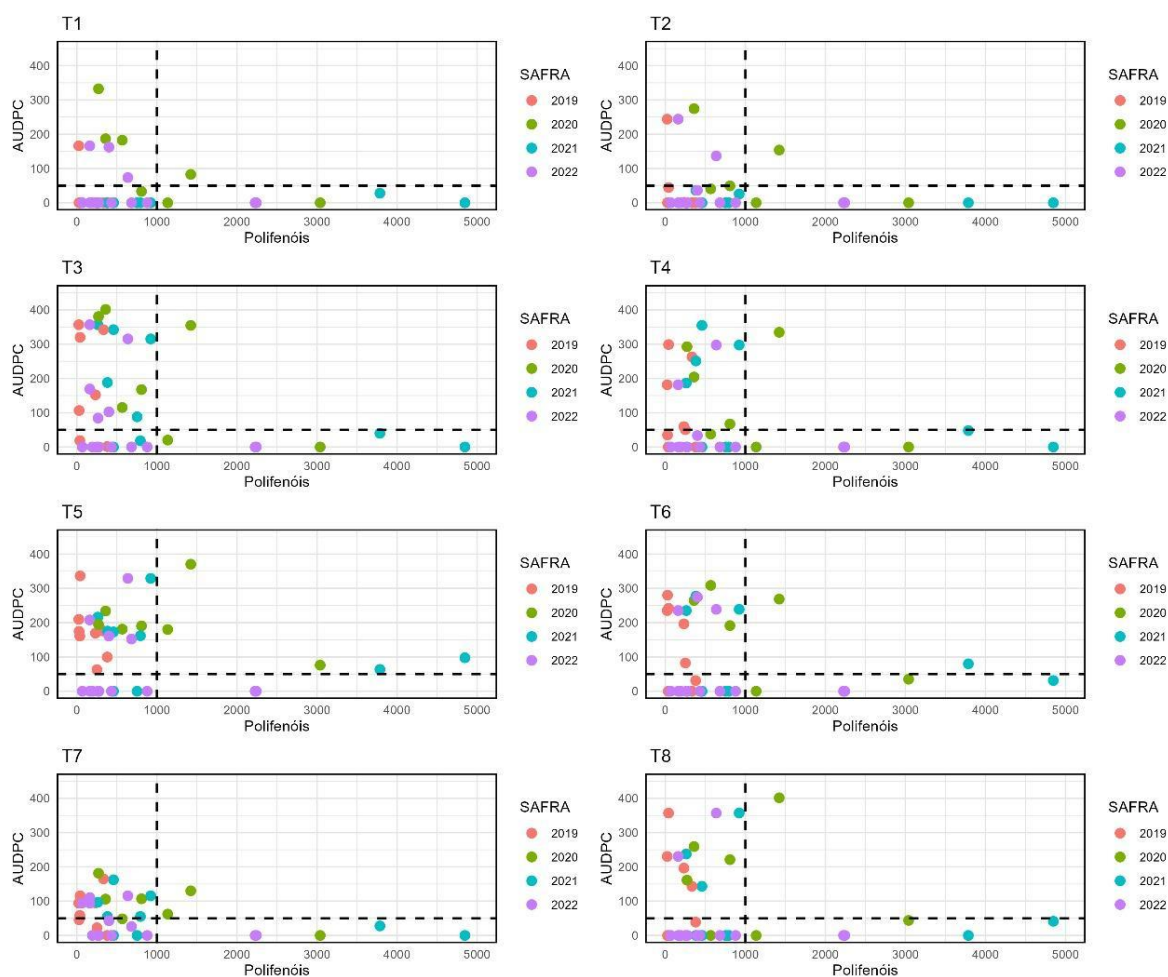


Figure 5. Relationship between grape ripe rot disease progression (AUDPC) and concentration of polyphenols for treatments across 2019–2022 harvests. T1 – Control with wound and water (w/W + H₂O); T2 – Control without wound and with water (w/oW + H₂O); T3 – With wound and grape juice (w/W + GJ); T4 – Without wound and with grape juice (w/oW + GJ); T5 – With wound, grape juice, and conidia suspension (w/W + GJ + CoS); T6 – Without wound, with grape juice and conidia suspension (w/oW + GJ + CoS); T7 – With wound and conidia suspension (w/W + CoS); T8 – Without wound and with conidia suspension (w/oW + CoS).

SUPPLEMENTARY MATERIAL

Table 1S. Total polyphenol concentration of 13 grapevine varieties during four consecutive Crop season, in vineyards cultivated in Videira, Santa Catarina.

			Confidence interval		
Variety	Mean	Standard error	Lower	Upper	Scott Knott
Crop season 2019					
Bronner	41,10	96,82	-276,72	358,81	a
Calardis Blanc	232,45	108,25	-122,87	587,78	abcde
Felicia	37,38	96,82	-280,44	355,19	a
Helios	28,27	96,82	-289,54	346,09	a
Prior	379,27	96,82	61,46	697,09	abcdef
Regent	251,27	96,82	-66,54	569,09	abcd
Sauvignon Blanc	333,32	96,82,25	15,51	651,14	abcdef
Souvignier Gris	24,17	124,99	-386,13	434,47	ab
Crop season 2020					
Bronner	1423,33	96,82	1105,41	1741,26	i
Calardis Blanc	807,78	96,82	489,96	1125,70	efgh
Felicia	1134,89	96,82	817,07	1452,71	hi
Helios	567,22	96,82	249,41	885,04	abcdefg

Prior	3040,00	96,82	2722,18	3357,82	k
Regent	5656,67	96,82	5338,85	5974,59	n
Sauvignon Blanc	338,52,85	108,25	-16,81	693,85	abcdef
Souvignier Gris	359,22	96,82	41,41	677,15	abcdef

Crop season 2021

Bronner	923,23	96,82	605,41	1241,05	ghi
Felicia	793,85	96,82	476,03	1111,66	defgh
Helios	382,69	96,82	64,82	700,51	abcdefg
Merlot	752,82	124,99	342,52	1163,26	cdefgh
Prior	4847,69	96,82	4529,88	5165,51	m
Regent	3786,15	96,82	3468,34	4103,97	l
Sauvignon Blanc	399,45	96,82	109,32	689,57	abcdef
Souvignier Gris	262,15	96,82	-55,66	579,97	abcd
<i>V. shuttleworthyi</i> <i>PI4407</i>	457,72	124,99	47,42	868,02	abcdefg

Crop season 2022

Bronner	636,88	108,47	281,56	992,21	bcdefgh
Calardis Blanc	68,23	96,82	-249,59	386,05	ab
Concord	432,15	124,99	21,85	842,45	abcdefg
Felicia	682,94	108,25	327,61	1038,27	cdefgh

Helios	401,02	108,25	45,69	756,35	abcdefg
Merlot	878,46	108,25	523,13	1233,79	fghi
Niagara Rosada	264,73	124,299	-145,57	675,03	abcdef
Poloskei Muskotály	194,00	96,82	-123,82	511,82	abc
Prior	2226,92	96,82	1909,11	2544,74	j
Regent	2241,92	108,25	1886,59	2597,25	j
Sauvignon Blanc	162,15	96,22	-155,66	479,97	abc
Souvignier Gris	161,21	108,25	-194,12	516,54	abc
<i>V. shuttleworthyi</i> <i>PI4407</i>	275,90	125,99	-134,40	686,20	abcdef

* Degrees of freedom = 129. Test: The letters in the column indicate the statistical groups; values followed by the same letter within the same Crop season do not differ significantly from each other.

9 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A presente Tese tem aderência a outras iniciativas que visam fortalecer o desenvolvimento e a melhoria da Vitivinicultura Catarinense, resultando da parceria UFSC-Epagri-Sector Vitivinícola. As ações de ciência e tecnologia são pertinentes e podem se constituir em alicerce ao processo de expansão da melhoria dos vinhedos, das uvas, bem como do vinho.

O presente estudo teve o apoio de uma rede de melhoramento e manejo de videira que teve início a partir da parceria entre UFSC e EPAGRI com a Fundação Edmund Mach (antigo Instituto San Michelli), da Itália e, posteriormente, com o Instituto Julius Kühn, da Alemanha. Portanto, esta Tese é parte da parceria acima descrita.

Os recursos para a execução do projeto foram oriundos de distintas fontes. Parte dos recursos utilizados para o desenvolvimento do estudo proveem do projeto internacional “Tecnologias para o Desenvolvimento da Vitivinicultura Catarinense – Fase 5”, através de um convênio firmado entre o Governo do Estado de Santa Catarina, a Província Autônoma de Trento (Itália), a Epagri, UFSC, o Istituto Agrario San Michele all’Adige – Itália e o Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof (Alemanha). O projeto foi financiado pela Fapesc. Adicionalmente, o custo anual para manutenção dos equipamentos e dos vinhedos foi financiado pelo projeto da FAPESC TO2017TR1844, intitulado como Avaliação vitivinícola de genótipos de videiras nas condições edafoclimáticas de Santa Catarina – fase 4. Parte das atividades do presente estudo contou com financiamento aprovado pelo CNPq (Projetos CNPqPq 423476/2018-1 e CNPq 405963/2023-8). Recursos financeiros do projeto TO2021TR002096, financiado pela FAPESC, também foram utilizados tanto em custeio quanto em equipamentos para o desenvolvimento desta Tese. Além disso, parte dos materiais, reagentes e despesas com viagens de avaliação e coleta de amostras foram custeados com a taxa de bancada CNPq, vinculada à bolsa de estudos.

Algumas análises acabam requerendo equipamentos sensíveis como de Microscopia Eletrônica de Varredura, de alto valor, que estão em laboratório multiusuário. Em decorrência de manutenção do equipamento ou mesmo de reagentes específicos, as análises não puderam ser feitas no cronograma inicial previsto. Isto demandou maior tempo do que o previsto para serem finalizadas.

Tendo em vista que o avaliador deve ter boa acuidade e estar bem treinado para a identificação das características a serem avaliadas a campo, em particular da severidade da

doença, foi necessário muita concentração, preparo e treinamento prévio. Sendo todos os anos realizados por mim (Capítulo 1), para não haver nenhuma inconsistência ou divergência nos dados.

De modo geral, podemos concluir que a variedade Souvignier Gris, GF.2004-043-0015, Calardis Blanc, possuem menor expressão da doença. Enquanto a variedade Cabernet Cortis, Sauvignon Blanc e Baron, apresentaram maior desenvolvimento de doença, independente da safra ou cidade. Partindo disso, sugerimos um estudo mais a fundo das variedades com maiores destaques para possíveis inserções em estratégias de melhoramento genético. Vale destacar que as variedades são resilientes, em alguns casos com o passar da safra, houve redução da taxa de desenvolvimento da doença.

Em relação a baga, é importante identificar as variedades cujas bagas têm menor resistência à compressão, assim como aquelas variedades que produzem cachos mais compactos estão relacionadas com uma maior ou menor suscetibilidade à podridão da uva madura, para facilitar a escolha dos parentais para cruzamentos, a exposição aos patógenos identificados, a definição dos critérios de seleção das plantas segregantes e os dos locais de avaliação, na expectativa que serão mais eficientes e céleres.

O mercado e a sociedade estão exigindo produtos de qualidade e que tenham um menor impacto à saúde humana e ao meio ambiente. As variedades de *Vitis vinifera* atuais não possuem genes de resistência à podridão da uva madura, exigindo o uso de agrotóxicos, cujas consequências são adversas à saúde humana e ao meio ambiente.

A ocorrência de podridões também faz com que os cachos tenham que ser colhidos antes da sua maturação fisiológica. Por isso, a tomada de decisão para colheita é feita com base na sanidade e não na maturação ótima, o que impede a produção de vinhos de maior qualidade. Portanto, os efeitos tanto da podridão quanto do uso de agrotóxicos são adversos a economicidade dos vinhedos, pois aumentam os custos de produção.

Em relação a interação genótipo *versus* ambiente, existem diferentes patótipos, podendo um deles ser virulento em um local e não em outro. Em relação a baga, avaliando morfo-anatomicamente pode ser caracterizado como cada variedade se comporta em determinado local comparativamente a outras. Da mesma forma, foi importante conhecer as variedades cujas bagas têm menor resistência à compressão, assim como aquelas variedades que produzem cachos mais compactos estão relacionadas com uma maior ou menor suscetibilidade à podridão.

A aplicabilidade dos resultados obtidos será nos programas de melhoramento genético. O conjunto de informações geradas com o alcance do objetivo geral e dos específicos as etapas do melhoramento genético, quais sejam, a escolha dos parentais para cruzamentos, a exposição aos patógenos identificados, os critérios de seleção das plantas segregantes e os locais de avaliação, serão mais eficientes e céleres. Trata-se da obtenção de conhecimento básico para o melhoramento genético que o projeto almeja prioritariamente.

O desenvolvimento de variedades resistentes a uma doença, como no caso a podridão da uva madura é, via de regra, a melhor solução. Considerando que são distintas espécies envolvidas com os sintomas da podridão da uva madura, a combinação de efeitos a curto prazo, como o aperfeiçoamento de práticas de manejo e, a longo prazo, variedades com maior grau de resistência a esta doença, produzirão condições de diminuição do uso de agrotóxicos e, conseqüentemente, diminuição de custos de produção e das externalidades negativas. Este cenário contribui para a produção sustentável de produtos de alta qualidade com benefícios tanto aos viticultores, vinícolas e a sociedade como um todo, mesmo que seja a médio e longo prazo.