

ANÁLISE DA VIRULÊNCIA DE ISOLADOS DE *Phytophthora infestans* PROVENIENTES DE BATATA DO SUL DO BRASIL

Victor H. Casa-Coila¹; Fernanda F. Cruz²; Gabriele F. de Paula²; Daniele de Brum²; Maria Inês Diel³; Dediel Júnior. A. Rocha⁴; Cesar B. Gomes⁵

¹Doutorando PPGFS, UFPel, torcasa7@yahoo.com.br

²Graduando em Agronomia, UFPel

³Graduando em Agronomia, UFFS

⁴Doutorando PPGA, UFPel.

⁵Eng. Agrônomo, Doutor, pesquisador da Embrapa Clima Temperado.

Phytophthora infestans, agente causador da requeima, é um dos patógenos mais destrutivos da cultura da batata. O incremento da diversidade genética do patógeno nas últimas décadas ao redor do globo tem ocorrido principalmente pelas migrações das suas populações. No sul do Brasil já foi reportada a existência dos dois grupos de compatibilidade (A1 e A2), incrementando-se assim a variabilidade genética desse oomiceto. Para o entendimento da variabilidade, um dos estudos é a determinação de raças de *P. infestans* o qual é realizado através de uma série diferenciadora de genes R de resistência (R1–R11) de *Solanum demissum*. Dessa forma, avaliou-se em laboratório, a virulência de 145 isolados de *P. infestans*, coletados em lavouras de batata e provenientes do RS, SC e PR em discos foliares de 15 mm de diâmetro de uma série diferenciadora de batata e a cultivar Craigs Royal (RO), sem genes de resistência vertical. Quatro discos foram inoculados separadamente com 20 µL de uma suspensão aquosa de *P. infestans* contendo 10⁵ esporângios/mL, dispostos em placas Petri e mantidos em BOD a 17 ± 1 °C e fotoperíodo de 16h luz por seis dias. A avaliação foi realizada com base na escala de notas de severidade (0-5) nos discos de folha, onde: 0 = sem sintomas; 1 = necrose foliar; 2, 3, 4 e 5 que corresponderam a 5%, 5 a 20%, 20 a 50%, e > 50% da superfície do disco coberto pela esporulação do oomiceto. A partir desses dados, foi determinada a compatibilidade de virulência (nota ≥ 2). Verificou-se elevada diversidade de raças (n=86), sendo o maior número observado no estado do Rio Grande do Sul, entre as quais a mais complexa foi '0,1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11' (1,37%) com 11 genes de virulência. No entanto, as raças predominantes e mais frequentes foram '0,1,3,4,6,7,8,10,11' (6,20%), e '0,1,3,4,7,8,10,11' (6,20%), detectadas nos três estados com oito e sete genes de virulência, respectivamente. Através desses resultados também pode-se inferir que a maioria dos isolados foi capaz de vencer a resistência do clone contendo o gene R7, seguido pelos genes R3, R1, R11 e R4; e, menor número de isolados virulentos, foi observado nos clones contendo os genes R5, R2 e R9.

Agradecimento: PEC-PG CAPES.