

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Dissertação

**Avaliação de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) quanto à resistência
a *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary**

Daiana Döring Wolter

Pelotas, 2018

Daiana Döring Wolter

**Avaliação de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) quanto à resistência
a *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências (área de conhecimento: Fitomelhoramento).

**Orientador: Arione da Silva Pereira, PhD. – Embrapa Clima Temperado
Coorientador: Cesar Bauer Gomes, Dr. – Embrapa Clima Temperado**

Pelotas, 2018

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

W868a Wolter, Daiana Döring

Avaliação de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) quanto à resistência a *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary / Daiana Döring Wolter ; Arione da Silva Pereira, orientador ; Cesar Bauer Gomes, coorientador. — Pelotas, 2018.

60 f.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2018.

1. Requeima. 2. Parâmetros genéticos. 3. Melhoramento genético. I. Pereira, Arione da Silva, orient. II. Gomes, Cesar Bauer, coorient. III. Título.

CDD : 633.491

Banca Examinadora:

Arione da Silva Pereira, PhD., Embrapa Clima Temperado (presidente).

Camila Pegoraro, Dra., Universidade Federal de Pelotas.

Caroline Castro, Dra., Embrapa Clima Temperado.

Leandro José Dallagnol, Dr., Universidade Federal de Pelotas.

Dedico este trabalho a meus pais,
Leonario e Elaine,
Por todo incentivo.

Agradecimentos

Primeiramente, agradeço a Deus, por me dar consolo nos momentos mais difíceis e por seu amor incondicional. Agradeço a meus Pais Elaine e Leonario Wolter, pois tudo que tenho conquistado até aqui não seria possível sem a orientação e ensinamentos passados, apesar de muitas vezes não entenderem o mundo científico, sempre estão dispostos a ajudar e dar o apoio possível.

Ao meu namorado Gelson Araújo, o qual compartilhou comigo, momentos de angustia e felicidade durante o mestrado, agradeço todo o apoio e compreensão.

Agradeço a meu irmão Roberto Carlos Wolter, pelo seu apoio.

Ao meu orientador PhD. Arione da Silva Pereira pela oportunidade de orientação no mestrado, por todo o conhecimento e valores transmitidos, e ainda todos os conselhos passados. Ao coorientador Dr. Cesar Bauer Gomes pela orientação no desenvolvimento dos estudos e por todos os ensinamentos.

À Universidade Federal de Pelotas, ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia e a Embrapa Clima Temperado, pela oportunidade de realização do curso de mestrado em Agronomia e desenvolvimento do trabalho. A CAPES pelo apoio financeiro e concessão da bolsa de estudos.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia pela contribuição acadêmica durante a minha formação.

Aos meus amigos e colegas da Pós-graduação, em especial Francieli, Tuane e Emerson, por toda amizade, companhia, apoio e ajuda na realização deste trabalho.

Aos estagiários Luiz Felipe e Leonardo, pela amizade e ajuda nos trabalhos.

Aos funcionários da Embrapa Clima temperado do Programa de Melhoramento Genético da Batata, M.Sc. Fernanda, Brenoaldo, Sergio e Everton, e os funcionários do Laboratório de Fitopatologia Gelson e Claudiomar, pelo auxílio na realização deste trabalho.

A todos que de alguma forma contribuíram para este trabalho.

Obrigada!

“A principal meta da educação é criar homens que sejam capazes de fazer coisas novas, não simplesmente repetir o que outras gerações já fizeram. Homens que sejam criadores, inventores, descobridores. A segunda meta da educação é formar mentes que estejam em condições de criticar, verificar e não aceitar tudo que a elas se propõe.”

Jean Piaget

Resumo

WOLTER, Daiana Döring. Avaliação de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) quanto à resistência a *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. 2018. 60f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é extremamente importante para a segurança alimentar da humanidade. A sua produção está limitada a muitos fatores, destacando-se as doenças, dentre as quais a requeima, causada pelo oomiceto *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, que é considerada uma das mais destrutivas e de maior impacto econômico. A utilização de cultivares resistentes é a maneira mais econômica de controle desta doença. Entretanto, no Brasil as cultivares amplamente utilizadas são suscetíveis ao patógeno. Para o desenvolvimento de genótipos com elevada resistência é necessário que os programas de melhoramento de batata conheçam a herança de resistência dos genitores. Diante disso, foram desenvolvidos dois estudos. O primeiro teve como objetivo caracterizar genótipos de batata quanto à resistência a isolados de *P. infestans* de diferentes complexidades, utilizando três métodos. Foram avaliados 19 genótipos, em experimentos a campo e *in vitro*, quanto à severidade de diferentes isolados de *P. infestans*. Os 19 genótipos de batata apresentaram diferentes níveis de resistência nos experimentos de campo e *in vitro*, existindo genótipos com resistência qualitativa e quantitativa. Os genótipos classificaram-se como: 'EPAGRI Catucha', resistente a *P. infestans*; 'IAC Ibituaçu' e o clone F50-08-01, moderadamente resistentes; 'BRS F63' (Camila), F63-10-07, 'BRS Pérola', F63-10-13, F183-08-01 e F37-08-01, moderadamente suscetíveis; F131-08-01, F21-07-09, 'BRS Clara', 'Innovator', 'BRS Ana', 'Asterix', 'Ludmilla' e CL 308, altamente suscetíveis. Dentre os métodos *in vitro* testados, o de folíolos destacados ofereceu melhores resultados. O segundo estudo teve como objetivo comparar dois genitores de batata com resistência a *P. infestans*, 'BRS Eliza' e 'BRS Clara', quanto à capacidade de geração de populações híbridas. Duas populações híbridas de 120 indivíduos (genótipos) cada, foram obtidas dos cruzamentos de 'BRS Eliza' e 'BRS Clara' com C1883-22-97 (susceptível). As estimativas de herdabilidade da área abaixo da curva de progresso da requeima (AACPD) das duas populações foram de magnitude moderada e suas respostas esperadas de seleção não diferiram entre si. No entanto, a média de AACPD dos indivíduos da população de 'BRS Eliza' x C1883-22-97 foi menor (isto é, mais resistentes), indicando superioridade da cultivar 'BRS Eliza' em comparação com a cultivar BRS Clara.

Palavras-chave: Requeima, Parâmetros genéticos, Melhoramento genético.

Abstract

WOLTER, Daiana Döring. Evaluation of potato genotypes (*Solanum tuberosum* L.) for resistance to *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary. 2018. 60f. Dissertation (Master degree) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

Potato (*Solanum tuberosum* L.) is extremely important for the food security of mankind. Its production is limited to many factors, especially diseases that affect the crop, among them the late blight, caused by the oomycete *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary, which is considered one of the most destructive and with great economic impact. The use of resistant cultivars is the most economical way to control this disease, however in Brazil the cultivars widely used are susceptible to the pathogen. For the development of highly resistant genotypes, it is necessary that potato breeding programs to know the inheritance of resistance of the genitors. Faced with this situation, two studies were carried out. The objective of the first study was to characterize potato genotypes for resistance to isolates of *P. infestans* of different complexities, using different methods. Nineteen potato genotypes were evaluated in field and *in vitro* experiments for the severity of different isolates. The 19 potato genotypes presented different levels of resistance to *P. infestans* in the field and *in vitro* experiments, with genotypes having qualitative and quantitative types of resistance. The genotypes were classified as: 'EPAGRI Catucha', resistant to *P. infestans*; 'IAC Ibituaçu' and clone F50-08-01, moderately resistant; 'BRS F63' (Camila), F63-10-07, 'BRS Pérola', F63-10-13, F183-08-01 and F37-08-01, moderately susceptible; F131-08-01, F21-07-09, 'BRS Clara', 'Innovator', 'BRS Ana', 'Asterix', 'Ludmilla' and CL 308, highly susceptible. Of the two *in vitro* methods tested, the detached leaflet offered better results. The second study had as objective to compare two potato resistance genitors, 'BRS Eliza' and 'BRS Clara', regarding the capacity of generating a hybrid population. Two hybrid populations of 120 individuals (genotypes) each were obtained from crossing 'BRS Eliza' and 'BRS Clara' with C1883-22-97 (susceptible). Heritability estimates of the area under disease progress curve (AUDPC) of the two populations were of moderate magnitude, and expected selection response did not differ from each other. However, the mean AUDPC of individuals from the 'BRS Eliza' x C1883-22-97 cross was lower (i.e., more resistant), indicating the superiority of 'BRS Eliza' compared to 'BRS Clara'.

Key words: Late blight, Genetic parameters, genetic improvement.

Lista de Figuras

2. CAPÍTULO I – Caracterização da resistência de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) a *Phytophthora infestans* (Mont) de Bary:

Figura 1: Dados meteorológicos, referentes à umidade relativa do ar, temperaturas (máxima, média e mínima) e precipitação, nos períodos de outono de 2016 e 2017, durante a avaliação de severidade da requeima de genótipos de batata, em condições de campo. Pelotas/RS, 2018.....23

3. CAPÍTULO II – Potencial de geração de populações híbridas de dois genitores de batata (*Solanum tuberosum* L.) com resistência à *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary

Figura 1: Valores da área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD) dos 120 indivíduos (genótipos) da população derivada do cruzamento 'BRS Clara' x C1883-22-97 e de seus genitores. Pelotas/RS, 2018.....47

Figura 2: Valores da área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD) dos 120 indivíduos (genótipos) da população derivada do cruzamento 'BRS Eliza' x C1883-22-97 e de seus genitores. Pelotas/RS, 2018.....48

Lista de Tabelas

2. CAPÍTULO I – Caracterização da resistência de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) a *Phytophthora infestans* (Mont) de Bary:

Tabela 1: Genótipos de batata avaliados para resistência a *Phytophthora infestans* em condições de campo e *in vitro*. Pelotas/RS, 2018.....21

Tabela 2: Isolados de *Phytophthora infestans*, seus respectivos grupos de compatibilidade e a respectiva raça, contendo genes de virulência. Pelotas/RS, 2018.....25

Tabela 3: Isolados de *Phytophthora infestans*, seus respectivos grupos de compatibilidade e genes de virulência. Pelotas/RS, 2018.....26

Tabela 4: Resumo da análise de variância, para os caracteres: porcentagem de severidade final da doença (SEV%), área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) e taxa de progresso da doença (r), de 19 genótipos de batata, inoculados com isolados de *Phytophthora infestans*, Campo 2, Pi 151, no outono de 2016 e outono de 2017, respectivamente. Pelotas/RS, 2018..... 27

Tabela 5: Médias dos caracteres porcentagem de severidade final (SEV%) e área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD), e reação a *Phytophthora infestans* de 19 clones/cultivares de batata avaliado nas safras de outono de 2016 e outono de 2017. Pelotas/RS, 2018.....28

Tabela 6: Médias da taxa de progresso da doença (r) de 19 genótipos de batata inoculados com dois isolados distintos de *Phytophthora infestans* no outono de 2016 e outono de 2017. Pelotas/RS, 2018.....32

Tabela 7: Resumo da análise de variância, para o caractere porcentagem de severidade da doença (SEV%), em 19 genótipos de batata, inoculados com sete isolados de *Phytophthora infestans*. Pelotas/RS, 2018.....34

Tabela 8: Médias de severidade (%) *in vitro* de sete isolados de *Phytophthora infestans* em folíolos destacados de 19 genótipos de batata. Pelotas/RS, 2018.....36

Tabela 9: Resumo da análise de variância, para o caráter severidade da doença (SEV%), em 19 genótipos de batata, inoculados com sete isolados de *Phytophthora infestans*. Pelotas/RS, 2018.....37

Tabela 10: Média de severidade *in vitro* de seis isolados de *Phytophthora infestans* em discos foliares de 19 genótipos de batata. Pelotas/RS, 2018.....38

3. CAPÍTULO II – Potencial de geração de populações híbridas de dois genitores de batata (*Solanum tuberosum* L.) com resistência à *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary

Tabela 1: Estimativas dos componentes de variância para o caráter área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD), de duas populações híbridas. Pelotas/RS, 2018.....49

Sumário

| | |
|--|-----------|
| RESUMO..... | VI |
| ABSTRACT..... | VII |
| | |
| 1 INTRODUÇÃO GERAL..... | 14 |
| 2 CAPÍTULO I – Caracterização da resistência de genótipos de batata (<i>Solanum tuberosum</i> L.) a <i>Phytophthora infestans</i> (Mont) de Bary..... | 18 |
| 2.1 Introdução..... | 18 |
| 2.2 Material e Métodos..... | 21 |
| 2.2.1 Genótipos de batata..... | 21 |
| 2.2.2 Produção de inóculo..... | 22 |
| 2.2.3 Reação de genótipos de batata a <i>Phytophthora infestans</i> em condições de campo..... | 22 |
| 2.2.4 Avaliação da severidade <i>in vitro</i> de <i>Phytophthora infestans</i> em folíolos destacados de batata..... | 24 |
| 2.2.5 Avaliação da severidade <i>in vitro</i> de <i>Phytophthora infestans</i> em discos foliares de batata..... | 26 |
| 2.3 Resultados e Discussão..... | 27 |
| 2.3.1 Reação de genótipos de batata a <i>Phytophthora infestans</i> em condições de campo..... | 27 |
| 2.3.2 Reação de genótipos de batata a <i>Phytophthora infestans in vitro</i> | 33 |
| 2.3.2.1 Avaliação <i>in vitro</i> da severidade de <i>Phytophthora infestans</i> em folíolos de diferentes genótipos de batata..... | 33 |
| 2.3.2.2 Avaliação <i>in vitro</i> da severidade de <i>Phytophthora infestans</i> em discos foliares de diferentes genótipos de batata..... | 37 |
| 2.4 Conclusões..... | 41 |
| | |
| 3. CAPÍTULO II – Potencial de geração de populações híbridas de dois genitores de batata (<i>Solanum tuberosum</i> L.) com resistência à <i>Phytophthora infestans</i> (Mont.) de Bary..... | 42 |
| 3.1 Introdução..... | 42 |
| 3.2 Material e Métodos..... | 43 |
| 3.2.1 Populações de estudo..... | 43 |

| | |
|-------------------------------------|-----------|
| 3.2.2 Produção de inóculo..... | 44 |
| 3.2.3 Avaliação a campo..... | 44 |
| 3.2.4 Análise estatística..... | 45 |
| 3.3 Resultados e Discussão..... | 46 |
| 3.4 Conclusão..... | 51 |
| 5. Considerações Finais..... | 52 |
| REFERÊNCIAS..... | 53 |

1. INTRODUÇÃO GERAL

A batata (*Solanum tuberosum* L.) apresenta uma produção mundial superior a 368 milhões de toneladas, sendo classificada como o terceiro alimento de maior importância para a humanidade (FAOSTAT, 2018).

A domesticação da batata é atribuída aos povos nativos dos Andes da América do Sul, entre o Peru e a Bolívia, estima-se que ocorreu entre 6.000 e 10.000 anos. Foram identificadas cerca de 200 espécies silvestres distribuídas em 16 países desde o sudoeste dos Estados Unidos até o sul do Chile, entretanto o maior número de espécies é encontrado no Peru e na Bolívia (SPOONER; HETERSCHEID, 2005; HIJMANS; SPOONER, 2001). A principal espécie cultivada é autotetraploide ($2n = 4x = 48$ cromossomos) com herança tetrassômica e multialelismo como determinantes básicos do rendimento (PEREIRA et al., 2016).

No Brasil, a batata também tem números expressivos, em 2018, a estimativa é que alcance 3,9 milhões de toneladas, com rendimentos de 29,68 t ha⁻¹. A produção de batata no país é obtida principalmente na regiões Sudeste e Sul, correspondendo a 58,7 e 36,4% da área plantada, respectivamente, sendo os principais estados produtores: Minas Gerais, Paraná, São Paulo, Rio Grande do Sul, Goiás e Santa Catarina correspondendo a 32, 22, 20, 9, 5 e 4% da produção, respectivamente (IBGE, 2018).

Dentre as doenças que acometem a cultura da batata, a requeima causada pelo Oomycota *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary representa uma das mais importantes e destrutivas no Brasil e no mundo (TÖFOLI et al., 2016). O impacto econômico e social dessa doença histórica, remonta ao século XIX, quando apareceu na Irlanda, destruindo grande parte da cultura da batata e, em consequência, houve uma grande fome, resultando na morte ou emigração de milhares de irlandeses (SCHUMANN, 1991). A presença da requeima no Brasil data ser anterior a 1913 (LORENA, 1913).

Assim, a requeima constitui um grande problema à produção de batata no Brasil, pois as cultivares com maior expressão comercial no país são suscetíveis, sendo necessária à utilização intensa de fungicidas para a cultura manter níveis competitivos de produtividade. Os fungicidas são aplicados inicialmente para prevenir e depois para retardar a evolução da doença durante o ciclo da cultura, mas

o êxito no uso desses produtos geralmente está condicionado a vários fatores, tais como, a suscetibilidade da cultivar, a pressão de inóculo, as condições meteorológicas e outros (TÖFOLI et al., 2013).

A doença ocorre em todas as regiões produtoras de batata no Brasil, desde que as condições ambientais estejam favoráveis. É favorecida por umidade elevada de cerca de 90%, e temperaturas entre 12 e 20°C (FOHNER et al., 1984). Em temperaturas acima de 30°C, o desenvolvimento da doença é lento ou até mesmo paralisado. Como o patógeno pode permanecer vivo nos tecidos do hospedeiro, ele pode esporular e causar danos assim que as condições meteorológicas se tornarem favoráveis (LIMA et al., 2009).

O gênero *Phytophthora* é heterotático e necessita de dois tipos de talo, denominados grupo de compatibilidade A1 e A2, para que ocorra a reprodução sexual. Quando esses dois grupos entram em contato, a reprodução sexuada é obtida pela união do oogônio e anterídio, os quais se fundem, formando o oósporo, esporo sexual de resistência (FRY et al., 1992; TRIGIANO, 2010). A espécie *P. infestans* é um patógeno policíclico, que, sob condições meteorológicas favoráveis, desenvolve-se na planta infectando hastes, folhas e ocasionalmente tubérculos, formando estruturas de reprodução assexuada denominadas de esporângios. Essas estruturas são dispersas por correntes de ar e pela água da chuva para outras plantas saudáveis. Em temperaturas superiores a 15°C, os esporângios podem germinar diretamente sobre o tecido da planta; porém, quando as temperaturas forem mais baixas (5 a 10°C), podem liberar vários zoósporos biflagelados, que germinam ao entrarem em contato com o tecido foliar (DANIES et al., 2013).

Dentre as medidas de controle da requeima, a aplicação regular de fungicidas é a mais importante e eficiente (MIZUBUTI, 2001). A batata é cultivada no Brasil em regiões e épocas onde as condições são altamente favoráveis à requeima. O problema é agravado pelo plantio de cultivares suscetíveis (COSTA et al., 2002). Com isso, as pulverizações são iniciadas tão logo surgem as primeiras folhas e seguem até o final do ciclo da cultura, em intervalos de três a cinco dias (NAZARENO et al., 1999). Diante disso, o maior gasto com fungicidas para o controle da requeima durante todo ciclo onera o custo de produção, além de aumentar: a intoxicação de aplicadores, a contaminação do ambiente pela deriva, a lixiviação dos excessos de produtos pulverizados, os teores de resíduos de fungicidas em tubérculos e outros órgãos vegetais, e o risco de seleção de isolados

do patógeno resistentes a fungicidas, principalmente aqueles com mecanismos de ação mais específicos (REIS et al., 2002).

A busca por cultivares de batata com resistência à requeima teve início após a primeira epidemia na Europa, em meados do século XIX (FRY, 2008). O melhoramento genético teve sucesso com a introgressão de genes de resistência (genes R), raça-específica (resistência vertical, monogênica ou qualitativa), oriundos de *Solanum demissum* e de *S. stoloniferum* em cultivares de *S. tuberosum* (GRÜNWALD; FLIER, 2005; FRY, 2008). Entretanto, a resistência qualitativa, a qual é controlada por genes de efeito maior, não é durável. Isto pode ocorrer em função da rápida adaptação do patógeno e, com isso, raças compatíveis de *P. infestans* apareceram ao longo dos anos (NOWICKI et al., 2012). As cultivares comerciais de batata, na sua maioria, contém uma combinação de genes R, mas a efetividade da resistência destas cultivares depende das raças que compõem a população do patógeno, presentes em uma determinada área de cultivo (STEWART et al., 2003). Nos últimos levantamentos realizados, têm sido observados a predominância do GC A2. No entanto, há menos de 10 anos, foi detectada a ocorrência de isolados dos grupos A1 e A2 e isolados auto compatíveis em lavouras de batata dos estados de Rio Grande do Sul, Minas Gerais e São Paulo (OLIVEIRA, 2010; SANTANA et al., 2013; CASA-COILA, 2014).

A resistência qualitativa além de não ser durável, pode levar a perda de genes que conferem resistência raça não-específica (resistência horizontal, poligênica ou quantitativa) devido ao estreitamento da base genética do germoplasma, processo esse denominado de efeito vertifolia (VAN DER PLANK, 1963). Com isso, em cultivares que tiveram a resistência raça específica (qualitativa) suplantada pelo patógeno, o progresso da epidemia da requeima é mais rápido comparado a cultivares que não possuem tais genes para resistência raça específica (COX, 1995). Atualmente, buscam-se cultivares com resistência raça não-específica (quantitativa) à requeima, a qual é controlada por genes de efeito menor (aditivo), por este tipo de resistência ter maiores chances de ser durável (BRADSHAW, 2009). Esta durabilidade da resistência é devido ao fato de ser efetiva para várias raças do patógeno e em diferentes locais, sob condições meteorológicas favoráveis ao patógeno (LANDEO et al., 1995; LANDEO et al., 2002).

O programa de melhoramento genético de batata da Embrapa tem identificado fontes de resistência à requeima em genótipos adaptados às condições

do Brasil (PEREIRA et al., 2000; PEREIRA et al., 2013; CASA-COILA, 2014). Embora, esforços tenham sido feitos para desenvolver cultivares resistentes à requeima, as cultivares comumente plantadas no Brasil são classificadas como altamente suscetíveis, não possuindo um nível adequado de resistência (DUARTE, 2009).

Nesse contexto, o presente estudo foi realizado com objetivo geral de contribuir para o desenvolvimento de cultivares de batata com resistência à requeima. Os objetivos específicos foram: 1) caracterizar 19 genótipos de batata, entre cultivares comerciais e clones do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa, quanto à resistência a isolados de *Phytophthora infestans* de diferentes complexidades, utilizando diferentes métodos; e, 2) comparar dois genótipos de batata quanto à capacidade de geração de populações híbridas para resistência à *P. infestans*.

2. CAPÍTULO I – Caracterização da resistência de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) a *Phytophthora infestans* (Mont) de Bary

2.1 Introdução

A requeima é uma das doenças mais devastadoras relacionada às culturas da batata e do tomate. O organismo causador é o oomiceto *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary. A sua descoberta ocorreu no final do século XIX, fato esse que contribui para o estudo das patologias em plantas. Mesmo assim, ainda hoje, quase 150 anos depois, continua sendo uma das principais doenças da batata no mundo (WHISSON et al., 2016). No Brasil, a situação da requeima não é muito diferente em relação à sua importância, calcula-se que o seu controle, na batata, represente de 15% a 20% dos custos de produção da cultura (ZANOTTA, 2016). Na Região Sul, é a principal doença, que, em certas condições de temperatura e umidade, pode comprometer completamente a produção de batata (GRIMM et al., 2011).

A ocorrência de uma doença depende da interação entre patógeno, hospedeiro e ambiente (ZADOKS et al., 1979). Quando as condições ambientais não são favoráveis ao patógeno, a aplicação de defensivos torna-se desnecessária (BATISTA et al., 2006). A requeima pode ocorrer em todas as regiões brasileiras onde se cultiva batata. As condições que favorecem o desenvolvimento do patógeno são umidade alta e temperaturas entre 12 e 20°C (FOHNER et al., 1984). Quando as temperaturas são superiores a 30°C o desenvolvimento da doença é lento ou pode ser interrompido. *P. infestans* apresenta a capacidade de manter-se vivo nos tecidos do hospedeiro; assim, quando as condições meteorológicas tornam-se favoráveis, o patógeno é estimulado e volta a causar danos (LIMA et al., 2009).

A requeima pode incidir em toda a parte aérea da planta, afetando, dessa maneira, hastes, pecíolos, folíolos; e, em casos de infecção severa, podendo infectar os tubérculos (ZAMBOLIM et al., 2000; FLIER et al., 2003). Nos folíolos, os sintomas iniciais começam com pequenas manchas de cor pardo-escuro, e, com alta umidade, as manchas evoluem rapidamente formando lesões com aspecto

encharcado anelar em todo o órgão e causar sua morte, enquanto nos tubérculos, podem ocorrer manchas marrons sobre a sua epiderme (ZAMBOLIM et al., 2000).

Os ciclos reprodutivos assexuados deste patógeno são responsáveis por epidemias devastadoras. Como um oomiceto, *P. infestans*, produz esporângios que podem germinar ou indiretamente produzir zoósporos. Após um curto período de molhamento foliar (minutos a horas), os zoósporos se locomovem e germinam via tubo germinativo. Se os zoósporos estiverem no tecido do hospedeiro, o tubo germinativo pode penetrar o hospedeiro e iniciar infecções. A esporulação ocorre a partir de lesões e é estimulado por condições de umidade elevada e de temperaturas moderadas, de 15 a 22°C. Uma única lesão pode produzir milhares de esporângios, que são dispersos de forma aérea. A reprodução assexuada também pode levar ao desenvolvimento de linhagens clonais. Os indivíduos em uma linhagem clonal são todos derivados de um único evento de recombinação, e diferem uns dos outros apenas por mutação ou recombinação mitótica. Os membros de uma mesma linhagem clonal geralmente são fenotipicamente semelhantes entre si (FRY et al., 2015). No entanto, a recombinação sexual de *P. infestans* é o principal mecanismo de variabilidade do patógeno (CASA-COILA et al., 2017). Se um isolado do grupo de compatibilidade (CG) A1 e A2 ocorrerem em uma mesma lavoura, a possibilidade de recombinação sexual eleva o nível de variabilidade do oomiceto, podendo surgir híbridos mais agressivos. Além disso, na ausência do hospedeiro, os oósporos formados podem persistir no solo constituindo-se como inoculo primário para novas infecções (MAYTON et al., 2000; PORTER et al., 2005), gerando variabilidade do patógeno e conseqüentemente, possíveis dificuldades de controle considerando a resistência genética e uso de fungicidas específicos.

Em conseqüência desta realidade, o manejo da requeima, utilizando cultivares menos suscetíveis a essa doença em combinação com os momentos de aplicação de fungicidas indicados por sistemas de previsão, pode ser mais eficiente quando comparado ao manejo em que se utiliza a aplicação de fungicidas em intervalos fixos (KIRK et al., 2005).

Para obtenção de cultivares com resistência parcial ou mesmo resistência completa, a estratégia de melhoramento utilizada durante a primeira metade do século XX foi a utilização dos principais genes dominantes (genes R), que haviam sido descobertos na espécie silvestre de batata *Solanum demissum*, originária do México (MALCOLMSON; BLACK, 1966). No entanto, em meados dos anos 1960 na

Europa e em outros lugares, ficou claro que esses genes R não iriam fornecer resistência durável, individualmente ou em combinação, devido ao surgimento de novas raças de *P. infestans* (FRY, 2008). Como consequência, em muitos programas de melhoramento, iniciou-se a seleção para resistência quantitativa, utilizando-se de inoculação artificial de raças de *P. infestans* compatíveis com os genes R presentes no germoplasma local, ou através da geração de germoplasma livre de genes R, permitindo assim, que a avaliação para resistência quantitativa pudesse ser feita pelo uso de qualquer raça do patógeno (STEWART, 2003).

A resistência qualitativa (monogênica), genes R, da batata a *P. infestans* é facilmente superada pela ocorrência de novas raças do patógeno o que a torna ineficiente em uso contínuo em função de mudanças na população do patógeno (WASTIE, 1991). No entanto, o tipo de resistência viável e desejada na cultura da batata é a resistência horizontal (resistência raça não específica) que, sendo controlada por genes menores e com pequenos efeitos cumulativos e contínuos, confere uma resistência mais durável e estável na proteção das plantas (LANDEO, 2002; AKINO et al., 2014).

Desta forma, a obtenção de genótipos com genes menores de resistência ao patógeno, é a característica mais desejada dentro de um programa de melhoramento genético. Contudo, a maioria de cultivares de batata disponíveis no mercado, é suscetível ou têm resistência limitada a requeima (FRY, 2008; PEREIRA et al., 2012).

Várias espécies diploides resistentes a requeima foram estudadas a fim de identificar clones com altos níveis de resistência, sendo que *Solanum microdontum* Bitter e *S. berthaultii* (Hawkes) podem ser cruzadas com espécies cultivadas (BISOGNIN et al., 2002; DOUCHES et al., 2004). Entretanto, a maioria das fontes de resistência está associada a caracteres indesejáveis como maturidade tardia e baixa qualidade de tubérculo para processamento (BISOGNIN et al., 2002). Portanto, a avaliação de progênies de parentais resistentes e de alta qualidade de tubérculo cruzados com parentais suscetíveis e com maturidade precoce deve ser uma estratégia importante de melhoramento (BRADSHAW; MACKAY, 1994; BISOGNIN et al., 2002).

Assim, para que se possa explorar as fontes de resistência, disponíveis em um germoplasma, é necessário se dispor de uma caracterização eficiente para os testes de resistência. O teste de inoculação de *P. infestans* em folha destacada,

como complemento aos experimentos de campo, tem sido proposto para avaliação de reação à requeima em etapas iniciais de programas de melhoramento (DORRANCE; INGLIS, 1997; COLON et al., 2004).

Diante disso, o objetivo do trabalho foi avaliar e caracterizar 19 genótipos de batata, entre cultivares comerciais e clones do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa, quanto à resistência a isolados de *Phytophthora infestans* de diferentes complexidades, utilizando três métodos.

2.2 Material e Métodos

No presente estudo, avaliou-se a reação a *P. infestans* de genótipos de batata desenvolvidos no programa de melhoramento genético da Embrapa, e genótipos introduzidos de outros programas, em duas condições. Na primeira, a resistência dos genótipos foi avaliada a dois isolados de diferente complexidade em condições de campo. Na segunda, os genótipos foram avaliados para resistência a diferentes raças do patógeno, em biotestes conduzidos *in vitro*.

2.2.1 Genótipos de batata

Os genótipos de batata avaliados consistiram de nove cultivares (Asterix, BRS Ana, BRS F63 (Camila), BRS Clara, EPAGRI Catucha, Innovator, IAC Ibituaçu, BRS Pérola, Ludmilla) e sete clones avançados selecionados no programa de melhoramento genético de batata da Embrapa (F21-07-09, F50-08-01, F131-08-06, F183-08-01, F37-08-01, F63-10-07 e F63-10-13) e um clone selecionado pelo programa da Epagri (CL308). Como padrão de suscetibilidade, utilizou-se a cultivar Agata e, como resistente, o clone CIP 392.617.54 (COILA et al., 2010; GOMES, 2009), (Tabela 1).

Tabela 1: Genótipos de batata avaliados para resistência a *Phytophthora infestans* em condições de campo e *in vitro*. Pelotas/RS, 2018.

| Genótipo | Origem | Genealogia |
|------------------|------------------|-----------------------------|
| BRS Ana | Brasil - EMBRAPA | C1750-15-95 X Asterix |
| BRS Clara | Brasil - EMBRAPA | White Lady X EPAGRI Catucha |
| BRS F63 (Camila) | Brasil - EMBRAPA | C1750-15-95 X C1883-22-97 |
| BRS Pérola | Brasil - EMBRAPA | 2CRI1149-1-78 X Granola |
| F21-07-09 | Brasil - EMBRAPA | White Lady x C1750-15-95 |
| F37-08-01 | Brasil - EMBRAPA | C1787-14-96 X Amorosa |

| | | |
|----------------|------------------|---------------------------|
| F50-08-01 | Brasil - EMBRAPA | Rioja X C1316-8-82 |
| F63-10-07 | Brasil- EMBRAPA | Rioja X C1750-15-95 |
| F63-10-13 | Brasil- EMBRAPA | Rioja X C1750-15-95 |
| F131-08-06 | Brasil- EMBRAPA | BRS Ana X Caesar |
| F183-08-01 | Brasil- EMBRAPA | BRS Ana X C2372-02-02 |
| EPAGRI Catucha | Brasil - EPAGRI | CRI1149-1-8 X C999-263-70 |
| CL 308 | Brasil - EPAGRI | White Lady X Monalisa |
| IAC Ibituaçu | Brasil - IAC | IAC Jacy X G.52.64(1) |
| CIP 392.617-54 | Peru - CIP | 387002.11 x 387170.9 |
| Agata | Holanda | BM 52 72 X Sirco |
| Asterix | Holanda | Cardinal x SVP VE 70 9 |
| Innovator | Holanda | Shepody X RZ-84-2580 |
| Ludmilla | Alemanha | Diana X Innovator |

2.2.2 Produção de inóculo

Os isolados de *P. infestans* de batata utilizados no presente estudo foram provenientes da coleção de microrganismos fitopatogênicos de interesse agrônômico (COFIA) do Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Clima Temperado.

A preparação do inóculo se deu a partir de placas de Petri, contendo micélios e esporângios de cada isolado de *P. infestans*, repicados 25 dias antes e mantidos em câmara de crescimento à temperatura de 17°C e fotoperíodo de 16 h. Para a preparação das respectivas suspensões, as placas de Petri foram lavadas com água destilada e ajustadas para conter 10⁴ esporângios do oomiceto/mL⁻¹ de cada isolado, em cada experimento.

2.2.3 Reação de genótipos de batata a *Phytophthora infestans* em condições de campo

Foram avaliados 19 genótipos de batata (item 2.1) quanto à reação a dois isolados de *P. infestans*, sendo avaliados, cada um, em uma safra de cultivo. No experimento de outono de 2016 utilizou-se o isolado Campo 2. Este isolado foi caracterizado como do grupo de compatibilidade A2, apresentando dez genes de virulência (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 e 11). No segundo experimento, outono de 2017, utilizou-se o isolado Pi151, o qual também pertence ao grupo de compatibilidade A2 e contém sete genes de virulência (1, 3, 4, 7, 8, 10 e 11), segundo Casa-Coiola (2014).

O delineamento utilizado nos experimentos a campo foi blocos ao acaso com três repetições de uma linha contendo oito plantas espaçadas em 0,75 m entre linhas e 0,30 m entre plantas.

As inoculações das plantas nos experimentos foram realizadas aos 38 dias após a emergência das plantas na safra de outono de 2016, e aos 30 dias após a emergência no outono de 2017. Para a inoculação (item 2.3) das plantas com o patógeno, foi acrescentado à suspensão do oomiceto, uma solução do espalhante adesivo Tween 80® a 0,1%, a qual foi aplicada com um pulverizador manual costal de capacidade 5 L.

Durante o período entre as inoculações e a última avaliação a campo dos experimentos, a temperatura média do ar variou de 15,56°C a 14,53°C, com a máxima entre 20,90°C e 19,52°C e a mínima entre 12,05°C e 10,72°C; a umidade relativa do ar oscilou entre 67,4 e 97,0%, com média de 85,66%, e entre 66,1% e 95,9%, com média de 85,42%; e a precipitação pluvial foi 61,00 mm e 69,2 mm, respectivamente, em 2016 e 2017, conforme representado na Figura 1.

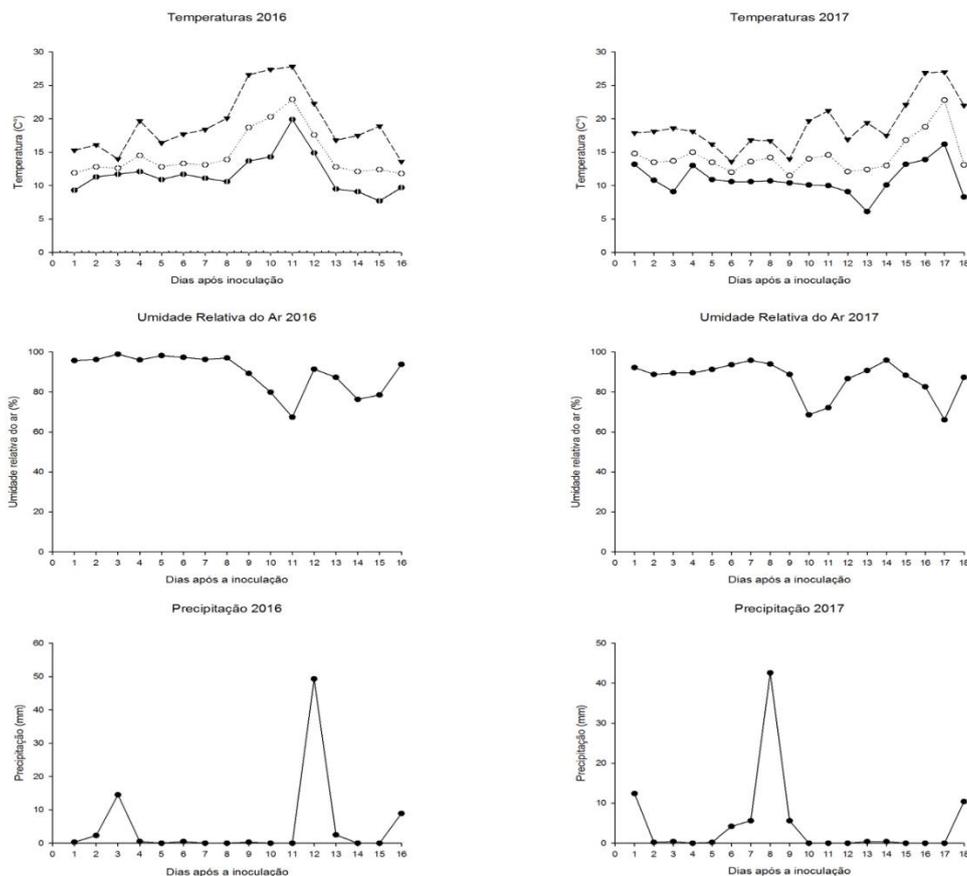


Figura 1: Dados meteorológicos, referentes à umidade relativa do ar, temperaturas (máxima, média e mínima) e precipitação, nos períodos de outono de 2016 e 2017, durante a avaliação de severidade da requeima de genótipos de batata, em condições de campo. Pelotas/RS, 2018.

Para avaliar a severidade da requeima, foi utilizada a metodologia proposta por James (1971), avaliando as plantas em uma escala de severidade de 1 a 100% de infecção de *P. infestans*. A primeira avaliação ocorreu sete dias após a inoculação, repetindo-se a cada três dias até algum dos genótipos apresentar severidade 100%. Ao final das avaliações, com os dados de severidade (SEV), calculou-se a área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) para cada genótipo, com o auxílio do programa GW Basic (MAFFIA, 1986), utilizando a seguinte equação:

$$AACPD = \sum_{i=1}^n [(Y_{i+1} + Y_i) \times 0,5] [T_{i+1} - T_i],$$

onde Y_i = percentagem de área foliar afetada pela requeima na i -ésima observação, T_i = tempo (em dias) no momento da i -ésima observação e n = número de observações (SHANER; FINNEY, 1977).

Os dados de AACPD foram submetidos ao teste de agrupamento de Scott & Knott, a 5% de probabilidade de erro, utilizando o software estatístico GENES (CRUZ, 2013). A taxa de progresso da doença foi obtida através do ângulo de inclinação β_1 , calculado cada repetição de cada genótipo, a partir dos dados de severidade. Os dados adequaram-se ao modelo linear simples, com análises realizadas no programa Excel para o cálculo do ângulo β_1 e, posteriormente, submetidos ao teste de agrupamento de médias de Scott & Knott, a 5% de probabilidade de erro, utilizando o software estatístico GENES (CRUZ, 2013).

2.2.4 Avaliação da severidade *in vitro* de requeima em folíolos destacados de batata

O estudo iniciou com o plantio de tubérculos dos 19 genótipos (item 2.1), em vasos contendo 2 kg de substrato comercial e suplementado com adubação NPK (formulação 5-30-10). As plantas foram mantidas em casa de vegetação no período de setembro a outubro de 2016. Após 40 dias do plantio, de cada genótipo de batata foram retiradas as folhas do terço médio das plantas, sendo selecionados os folíolos de tamanho semelhante.

Foram utilizados oito isolados de *P. infestans* de diferentes grupos de compatibilidade e de raças distintas, contendo diferentes de genes de virulência (Tabela 2).

Tabela 2: Isolados de *Phytophthora infestans*, seus respectivos grupos de compatibilidade e a respectiva raça, contendo genes de virulência. Pelotas/RS, 2018.

| Nº | Grupo de compatibilidade | Isolado | Raça-Gene de virulência |
|----|--------------------------|---------|-------------------------|
| 1 | A1- Autofértil | SJA-12 | 0 |
| 2 | A2 | BJ-04 | 7 |
| 3 | A1 | CRIS-02 | 1,11 |
| 4 | - | 3 SVM | 3,7,11 |
| 5 | A2 | CLAR2 | 1,3,7,10,11 |
| 6 | A2 | PI151 | 1,3,4,7,8,10,11 |
| 7 | - | PEL-04 | 1,2,3,4,6,7,8,9,10,11 |

A seguir, o trabalho foi realizado conforme metodologia descrita por Colon et. al. (2004). Após selecionados, os folíolos foram lavados cuidadosamente com água esterilizada e depositadas em bandejas plásticas (46 x 30 x 10 cm), contendo papel germitest umedecido com água esterilizada, utilizando-se três repetições (folíolos/tratamento). Logo, preparou-se separadamente a suspensões de inóculo de cada isolado, conforme o item 2.2, ajustando-se à concentração de 10^4 esporângios mL^{-1} . A seguir, os 19 genótipos de batata foram inoculados com os diferentes isolados do patógeno, separadamente. Após a organização dos genótipos nas bandejas, cada isolado de *P. infestans* foi inoculado separadamente no grupo de genótipos. A inoculação foi realizada no centro de cada folíolo, com uma suspensão contendo 20 μL . Imediatamente, cada bandeja foi vedada com filme plástico transparente, e incubadas em BOD com fotoperíodo de 16 h e temperatura de 17°C, por seis dias.

O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, em esquema fatorial (19 x 7), com três repetições. A avaliação da doença nos folíolos foi realizada em porcentagem de severidade de área infectada (0,1 a 100,0%) de acordo com o protocolo da *Potato Late Blight Network For Europe* (COLON, 2006), atribuindo-se valores intermediários de severidade.

Ao final do experimento, os valores de severidade obtidos nos ensaios foram transformados em arco sen raiz $x/100$, e, a seguir, submetidos à ANOVA e ao teste de agrupamento de médias de Scott & Knott, a 5% de probabilidade de erro, através do programa GENES (CRUZ, 2013).

2.2.5 Avaliação da severidade *in vitro* de requeima em discos foliares de batata

Primeiramente foi realizado o plantio de tubérculos dos 19 genótipos de batata (item 2.1) em vasos contendo 2 kg de substrato comercial adubado com NPK (formulação 5-30-10), sob condições de casa de vegetação. Após 50 dias do plantio, foram retiradas as folhas do terço superior das plantas de cada genótipo, as quais foram cuidadosamente lavadas para, a partir dessas obter-se discos foliares com diâmetro de 15 mm. Foram utilizados seis isolados, os quais estão apresentados na Tabela 3.

Tabela 3: Isolados de *Phytophthora infestans*, seus respectivos grupos de compatibilidade e genes de virulência. Pelotas/RS, 2018.

| Nº | Grupo de compatibilidade | Isolado | Gene de virulência |
|----|--------------------------|---------|-------------------------|
| 1 | A1-Auto-fértil | SJA-12 | 0 |
| 2 | A2 | BJ-04 | 0,7 |
| 3 | A1 | CRIS-02 | 0,1,11 |
| 4 | - | 3 SVM | 0,3,7,11 |
| 5 | A2 | CLAR2 | 0,1,3,7,10,11 |
| 6 | A2 | CAMPO 2 | 0,1,2,3,4,6,7,8,9,10,11 |

Para cada genótipo foram montadas quatro placas de Petri de 90 mm, cada placa contendo cinco discos foliares, sendo repetido para cada isolado. Os discos foram dispostos sobre papel filtro umedecido com água esterilizada. Após a organização das placas, os discos foram inoculados com 20 µL de suspensão de inóculo, contendo 10^4 esporângios de *P. infestans* por mL em cada disco foliar. O delineamento experimental foi inteiramente ao acaso, em esquema fatorial (19 x 6), com quatro repetições.

Logo após, as placas foram acomodadas em BOD a 17°C e fotoperíodo de 16 h, durante seis dias. A avaliação dos discos foi realizada com base na escala de severidade de doença (SD), utilizando a metodologia de Sozzi et al. (1992), onde os graus de SD são: 0 = sem sintomas; 1 = necrose, 2 = 5%, 3 = 5 a 20%, 4 = 20 a 50%, e 5 = > 50% da superfície do disco de folha coberto pela esporulação do oomiceto.

Ao final do experimento os valores de severidade de doença do ensaio foram submetidos à ANOVA e ao teste de agrupamento de médias de Scott & Knott, a 5% de probabilidade de erro, através do programa GENES (CRUZ, 2013).

2.3 Resultados e Discussão

2.3.1 Reação de genótipos de batata a *Phytophthora infestans* em condições de campo

Durante os experimentos a campo, as condições meteorológicas entre a inoculação e as avaliações da severidade foram: temperaturas médias do ar de 15,56°C e 14,53°C, precipitação pluvial de 61,0 e 69,2 mm e umidade relativa do ar de 85,66 e 85,42%, para 2016 e 2017, respectivamente. Essas condições meteorológicas evidenciam que o patógeno obtinha condições favoráveis para seu estabelecimento (MIZUBUTI, 2006), explicando o seu rápido estabelecimento e desenvolvimento, de sua inoculação até a severidade de 100% da doença de um dos genótipos estudados.

Nos dois experimentos conduzidos a campo (outono de 2016 e outono de 2017), as análises de variância relativas aos caracteres do estudo, severidade final de doença (SEV%), área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) e taxa de progresso da doença, apresentaram diferenças significativas, ao nível de 5% de probabilidade de erro, entre os genótipos (Tabela 4).

Tabela 4: Resumo da análise de variância, para os caracteres: porcentagem de severidade final da doença (SEV%), área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) e taxa de progresso da doença, de 19 genótipos de batata, inoculados com isolados de *Phytophthora infestans*, Campo 2 e Pi 151, no outono de 2016 e outono de 2017, respectivamente. Pelotas/RS, 2018.

| Fonte de variação | GL | QM | | |
|-------------------|----|----------|-----------|-------------------|
| | | SEV% | AACPD | Taxa de Progresso |
| 2016 | | | | |
| Blocos | 2 | 723,36 | 47711,88 | 80,23 |
| Tratamentos | 18 | 2889,42* | 73628,30* | 320,89* |
| Resíduo | 36 | 138,34 | 8246,15 | 23,03 |
| Total | 56 | | | |
| Média | | 71,73 | 346,55 | 23,01 |
| CV (%) | | 16,39 | 26,20 | 20,84 |
| 2017 | | | | |
| Blocos | 2 | 38,96 | 26524,22 | 10,59 |
| Tratamentos | 18 | 3218,97* | 82487,94* | 211,02* |
| Resíduo | 36 | 59,20 | 9922,2 | 4,98 |
| Total | 56 | | | |
| Média | | 76,80 | 324,76 | 18,72 |
| CV (%) | | 10,01 | 30,67 | 11,91 |

*Significativo a 5% de probabilidade de erro.

Os coeficientes de variação (CV) foram 16%, 26 % e 20% no experimento de outono de 2016, e 10%, 30% e 11 % no experimento de outono de 2017, para os caracteres SEV%, AACPD e Taxa de Progresso da doença, respectivamente. O CV serve de indicador da precisão experimental, que em ensaio de campo é considerado baixo quando inferior a 10%, médio quando de 10 a 20%, alto quando de 20 a 30% e muito alto quando superior a 30% (GOMES, 2009). Nestes dois experimentos, apenas para o caráter AACPD, o CV foi classificado como alto.

As médias dos caracteres SEV% e AACPD dos experimentos de outono de 2016 e outono de 2017 estão apresentadas na Tabela 5.

Tabela 5: Médias dos caracteres porcentagem de severidade final (SEV%) e área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD), e reação a *Phytophthora infestans* de 19 genótipos de batata avaliados nas safras de outono de 2016 e outono de 2017. Pelotas/RS, 2018.

| Genótipo | SEV(%) | | AACPD | | Reação | |
|------------------|----------|----------|----------|----------|--------|------|
| | 2016 | 2017 | 2016 | 2017 | 2016 | 2017 |
| CL 308 | 100,00 A | 99,00 A | 485,50 A | 491,50 A | AS | AS |
| Ludmilla | 96,66 A | 100,00 A | 468,50 A | 535,00 A | AS | AS |
| Asterix | 96,66 A | 100,00 A | 462,50 A | 462,00 A | AS | AS |
| Agata | 95,00 A | 100,00 A | 491,00 A | 520,50 A | AS | AS |
| BRS Ana | 92,33 A | 98,33 A | 466,50 A | 389,50 A | AS | AS |
| Innovator | 91,66 A | 100,00 A | 548,25 A | 481,00 A | AS | AS |
| BRS Clara | 91,00 A | 93,33 A | 442,00 A | 380,00 A | AS | AS |
| F37-08-01 | 89,33 A | 90,66 B | 426,50 A | 294,00 B | AS | MS |
| F21-07-09 | 87,66 A | 98,00 A | 407,00 B | 379,00 A | AS | AS |
| F131-08-06 | 83,33 B | 87,66 B | 366,00 B | 326,00 A | MS | AS |
| F183-08-01 | 81,00 B | 97,33 A | 364,50 B | 406,50 A | MS | AS |
| F63-10-13 | 78,33 B | 76,66 B | 365,50 B | 233,50 B | MS | MS |
| BRS Pérola | 76,66 B | 89,66 B | 344,50 B | 258,00 B | MS | MS |
| F63-10-07 | 71,66 B | 97,33 A | 283,25 B | 508,00 A | MS | AS |
| BRS F63 (Camila) | 60,00 B | 50,00 C | 313,50 B | 221,50 B | MS | MS |
| IAC Ibituaçu | 36,66 C | 23,33 E | 174,50 C | 92,50 C | MR | MR |
| F50-08-01 | 30,00 C | 36,66 D | 154,50 C | 131,00 C | MR | MR |
| EPAGRI Catucha | 5,00 D | 21,33 E | 20,50 D | 61,00 C | AR | MR |
| CIP 392.617-54 | 0,00 D | 0,00 F | 0,00 D | 0,00 C | AR | AR |

¹Médias seguidas da mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo, segundo o teste de Scott & Knott, ao nível de 5% de probabilidade de erro.

Em relação à AACPD, no experimento de campo em 2016, inoculado com o isolado Campo 2, os genótipos formaram quatro grupos distintos, ao passo que no experimento de outono de 2017, no qual foi utilizado o inóculo Pi151, os genótipos constituíram três grupos (Tabela 5).

Quanto ao SEV%, no experimento conduzido em 2016 (isolado Campo 2), os genótipos foram separados em quatro grupos, e em relação à reação à requeima: altamente suscetível, moderadamente suscetível, moderadamente resistente e altamente resistente. O grupo altamente resistente foi composto pela cultivar EPAGRI Catucha e o clone CIP 392.617-54, padrão de resistência, cujos valores foram de 5,00% e 20,50 de SEV% e AACPD, respectivamente.

O grupo de reação de moderada resistência foi composto pelo clone F50-08-01 e a cultivar IAC Ibituaçu, que apresentaram valores de SEV% de 30,00% e 36,60%, e AACPD de 154,50 e 174,50, respectivamente. Dentre os clones estudados, F50-08-01 teve o melhor desempenho em relação à resistência à doença.

O conjunto de genótipos com reação moderadamente suscetível foi formado pelas cultivares BRS F63 (Camila) e BRS Pérola e pelos clones F63-10-07, F63-10-13, F183-08-01 e F131-08-06, com valores de SEV%, variando de 60,00 a 83,33% e de AACPD, de 283,25 a 366,00.

Os genótipos F21-07-09, F37-08-01, 'BRS Clara', 'Innovator', 'BRS Ana', 'Asterix', 'Ludmilla' e CL 308 apresentaram os maiores SEV%, variando de 87,66 a 100%, e AACPD de 407,00 a 548,25. Esses genótipos foram agrupados juntamente com a testemunha suscetível 'Agata', portanto, caracterizados como altamente suscetíveis.

No experimento realizado no outono de 2017 (isolado Pi151), com base em valores SEV% e AACPD, os genótipos formaram também quatro grupos: altamente suscetível, moderadamente suscetível, moderadamente resistente e altamente resistente. No grupo de genótipos altamente resistente, esteve somente o clone CIP 392.617-54, padrão de resistência. O grupo moderadamente resistente foi formado pelas cultivares EPAGRI Catucha, IAC Ibituaçu e F50-08-01, que tiveram SEV% de 21, 33, 23,33 e 36,66% e AACPD de 61,00, 92,50 e 131,00, respectivamente.

O grupo moderadamente suscetível foi composto por quatro genótipos, 'BRS F63' (Camila), 'BRS Pérola', F63-10-13 e F37-08-01, os quais apresentaram SEV%

de 50,00, 89,66, 76,66 e 90,66, e AACPD de 221,50, 258,00, 233,50 e 294,00, respectivamente.

Os genótipos classificados como altamente suscetíveis foram F63-10-07, F183-08-01, F131-08-01, F21-07-09, 'BRS Clara', 'Innovator', 'BRS Ana', 'Asterix', 'Ludmilla' e CL 308, os quais agruparam-se com a testemunha suscetível 'Agata'. Esses genótipos apresentaram valores de SEV% entre 87,66 a 100,0% e de AACPD entre 326,00 e 535,00.

Os genótipos F37-08-01, F131-08-06, F183-08-01 e F63-10-07 apresentaram interação entre os experimentos. Os demais genótipos tiveram o mesmo comportamento e a mesma reação nos dois experimentos.

Apesar dos dois experimentos terem usado isolados diferentes de *P. infestans*, os resultados evidenciam a mesma tendência de suscetibilidade e resistência, corroborando com relatos de Coila (2014) e Bauer (2009), os quais apresentaram as mesmas reações para os genótipos 'Asterix', 'BRS Ana', 'Agata' e CIP 392.617-54.

A resistência a campo mostrada pela cultivar BRS F63 (Camila) é um bom indicativo para a sua veiculação na cadeia produtiva da batata. Esta cultivar foi desenvolvida pelo programa de melhoramento genético de batata da Embrapa, tendo bom aspecto vegetativo, elevado potencial produtivo de tubérculos comerciais, período de dormência de tubérculos média, extremamente resistente ao vírus Y da batata (PVY) (EMBRAPA, 2015). Portanto, além das características comerciais e resistência ao PVY, 'BRS F63' (Camila) apresenta-se menos vulnerável ao ataque da requeima do que as principais cultivares utilizadas no país.

Embora 'BRS Clara' tenha se comportado como suscetível aos dois isolados testados, há alguns anos atrás, durante seu desenvolvimento pelo programa de melhoramento de batata da Embrapa e validação junto à cadeia produtiva, esta cultivar apresentava moderada a alta resistência a requeima (Pereira, 2013). De acordo com Rocha (2015), 'BRS Clara' possui um alto nível de resistência quantitativa em conjunto com resistência qualitativa. Portanto, os genes R presentes não lhe conferem total proteção ao isolado da raça complexa de *P. infestans* utilizado neste estudo. Assim, a resistência quantitativa e o efeito residual de genes R deveriam proporcionar a cultivar um baixo índice de doença, o que não ocorreu nos dois experimentos. Isso pode ser uma indicação de superação da resistência pelo patógeno. Esse fato denota a importância em buscar novos genótipos com

resistência durável e quantitativa, visto que esse tipo de resistência é caracterizado por ser mais durável e mais difícil de ser superada pelo patógeno. Neste sentido, um bom exemplo é a estratégia adotada pelo CIP, que utiliza genótipos livres de genes R, na tentativa de desenvolvimento de genótipos com resistência durável a requeima (LANDEO, 2002). O genótipo utilizado no presente estudo como padrão de resistência é proveniente de uma população (B3) originada no CIP (LANDEO, 1995).

A cultivar EPAGRI Catucha apresentou bom desempenho em relação à reação à doença, corroborando com Casa-Coila (2014), que também observou maior produtividade da cultivar, quando inoculada com o oomiceto, em comparação a outros genótipos. A rusticidade e a resistência da 'EPAGRI Catucha' a diversos agentes causadores de problemas fitossanitários, especialmente a *P. infestans*, favorecem o seu uso em sistemas de produção orgânico, uma vez que essa cultivar é menos dependente de aplicações de insumos para o manejo fitossanitário (RAUBER et al., 2007).

A cultivar IAC Ibituaçu, que apresentou nesse estudo moderada resistência, não confirmou alto nível de resistência reportado anteriormente (DUARTE et al., 2012), mas mesmo assim é indicada para sistema orgânico de produção (ROSSI et al., 2011).

Quanto à taxa de progresso da requeima, os genótipos com menores médias foram os mais resistentes nos dois experimentos (Tabela 6). Pode-se observar diferenças entre médias das taxas de progresso dos genótipos CL 308, 'BRS Clara', F21-07-09, F131-08-06, 'BRS Pérola' e F63-10-13, entre os dois experimentos. As médias foram maiores no experimento de 2016, significando que a doença apresentou um desenvolvimento mais rápido naquele experimento. Nos cinco grupos formados, o grupo com menor média foi constituído por 'EPAGRI Catucha' e CIP 392.617-54, padrão de resistência, com taxas de progresso de 1,73 e 0,00, respectivamente. O segundo grupo de resistência foi constituído por F50-08-01 e 'IAC Ibituaçu', seguido do grupo composto somente da 'BRS F63' (Camila).

No experimento de 2017, os genótipos foram separados em três grupos. O grupo superior foi formado por 'EPAGRI Catucha', 'IAC Ibituaçu' e o padrão de resistência, CIP 392.617-54, com médias mais baixas das taxas de progresso, 4,90, 5,46 e 0,00, respectivamente. O grupo intermediário foi composto pelo clone F50-08-01 e pela cultivar BRS F63 (Camila), com taxas de 8,03 e 11,36, respectivamente.

Os demais genótipos formaram o grupo de médias mais elevadas, variando de 17,80 a 26,33.

Tabela 6: Médias da taxa de progresso da doença de 19 genótipos de batata inoculados com dois isolados distintos de *Phytophthora infestans* no outono de 2016 e outono de 2017. Pelotas/RS, 2018.

| Genótipo | 2016 | | 2017 | |
|------------------|-------|-------------------------------|-------|-----|
| CL 308 | 35,16 | A ¹ a ² | 25,50 | B a |
| BRS Clara | 33,76 | A a | 21,83 | B a |
| Ludmilla | 32,23 | A a | 26,33 | A a |
| BRS Ana | 29,96 | A b | 24,60 | A a |
| F21-07-09 | 29,20 | A b | 22,40 | B a |
| F183-08-01 | 29,10 | A b | 24,53 | A a |
| F131-08-06 | 28,50 | A b | 21,63 | B a |
| Agata | 28,16 | A b | 25,50 | A a |
| F37-08-01 | 27,30 | A b | 21,60 | A a |
| BRS Pérola | 26,60 | A b | 19,16 | B a |
| F63-10-13 | 26,43 | A b | 17,80 | B a |
| Asterix | 26,30 | A b | 25,63 | A a |
| Innovator | 23,45 | A b | 24,53 | A a |
| F63-10-07 | 21,68 | A b | 25,03 | A a |
| BRS F63 (Camila) | 16,96 | A c | 11,36 | A b |
| IAC Ibituaçu | 11,60 | A d | 5,46 | A c |
| F50-08-01 | 9,17 | A d | 8,03 | A b |
| EPAGRI Catucha | 1,73 | A e | 4,90 | A c |
| CIP 392.617-54 | 0,00 | A e | 0,00 | A c |

¹Médias seguidas da mesma letra maiúscula na horizontal diferem entre si; e ²médias seguidas da mesma letra minúscula na vertical pertencem ao mesmo grupo, segundo o teste de Scott & Knott, ao nível de 5 % de probabilidade de erro.

A avaliação da resistência expressa pelos genótipos se deu em AACPD menores e valores de taxas de progresso de doença mais baixos. Pois, usando apenas o parâmetro das taxas de progresso não seria tão eficaz para observar as maiores diferenças entre os genótipos, visto que o mesmo é calculado a partir de médias de porcentagens de degradação, representada por toda a duração da avaliação da doença. Alternativamente pode ser também porque as taxas estão sob o controle de fatores genéticos independentes de AACPD (OJIAMBO et al., 2000). Em contraposição a isso, os valores de AACPD foram calculados a partir de valores percentuais de dados ao longo dos intervalos de avaliação, e, portanto, seriam descritores mais precisos da gravidade da doença (JOHNSON et al., 1986). Assim

pode-se afirmar que a AACPD é uma ferramenta mais prática para medir a resistência das plantas às doenças (ZEIDERS; HILL, 1988; WANG et al., 1989).

Nos dois experimentos, os melhores resultados quanto à reação à requeima, além do clone CIP 392.617-54, padrão de resistência, foi apresentado pela cultivar EPAGRI Catucha, seguida da cultivar IAC Ibituaçu e do clone F50-08-01. Isto demonstra a estabilidade dos clones com relação à doença. Conforme Forbes et al. (2005), a resistência de cultivares de batata pode ser estável ou instável; caso a instabilidade seja detectada, esta pode ser devido ao ambiente, à população do patógeno ou à combinação de ambos.

As cultivares Agata e Asterix, que são as principais cultivares utilizadas no país, mostraram alta suscetibilidade à requeima. Este resultado explica o uso intenso de fungicidas pelos produtores para o controle da requeima no país. Embora isso, a predominância destas cultivares é devido à atratividade de seus tubérculos para os consumidores e outras características para a cadeia.

2.3.2 Reação de genótipos de batata a *Phytophthora infestans in vitro*.

Nos experimentos *in vitro*, as condições ambientais se mantiveram iguais durante todo o período de incubação, com temperatura de 17°C e fotoperíodo de 16 h. Como os discos foliares e folíolos destacados foram sobrepostos em papel filtro molhado, o inóculo obtinha umidade suficiente para estabelecer-se. Sabe-se que a umidade é de extrema importância para o desenvolvimento da *P. infestans* e, geralmente, o ar saturado ou a umidade foliar são necessários para que os esporângios germinem e para a mobilidade do zoósporo (FRY et al., 2015). Após a infecção ter ocorrido, o micélio do oomiceto está relativamente protegido da baixa umidade, mas é necessária uma alta umidade ambiental, quase saturação, para a formação de esporângios (HARRISON, 1992).

2.3.2.1 Avaliação *in vitro* da severidade de requeima em folíolos de diferentes genótipos de batata

A análise da variância em esquema fatorial (19 x 7) revelou interação significativa entre genótipos de batata e isolados de *P. infestans*, ao nível de 5% de

probabilidade de erro, para severidade da doença, cujo coeficiente (CV) de variação foi de 20,27% (Tabela 7).

Tabela 7: Resumo da análise de variância, para o caráter porcentagem de severidade da doença (SEV%), de 19 genótipos de batata, inoculados com sete isolados de *Phytophthora infestans*. Pelotas/RS, 2018.

| Fonte de variação | GL | QM da SEV% |
|-------------------|-----|------------|
| Blocos/Isolados | 14 | 0,39 |
| Genótipos (G) | 18 | 14,96** |
| Isolados (I) | 6 | 43,65** |
| G X I | 108 | 2,81** |
| Resíduo | 252 | 0,49 |
| Total | 398 | |
| CV (%) | | 20,27 |

**significativo a 5% de probabilidade de erro

Para a severidade considerando o fator genótipo, os materiais genéticos utilizados como padrão de suscetibilidade, 'Agata', e de resistência, CIP 392.617-54, e 'EPAGRI Catucha', foram os únicos genótipos, cujas raças testadas não diferiram significativamente quanto à severidade (Tabela 8).

Utilizando-se o método de folha destacada, de uma forma geral os isolados que apresentaram maior agressividade para a maioria dos genótipos foram Cri-9 (raça 0, 3, 7, 11), seguido de Pel-4 (raça 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 10, 11), enquanto o isolado Pi151 (raça 1, 2, 4, 7, 8, 10, 11) foi o isolado onde se observou os menores valores de severidade aos genótipos (Tabela 8).

Apesar da maioria dos genótipos apresentar reações diferentes aos isolados, 'Asterix', F131-08-01, F37-08-01 e o padrão de suscetibilidade, 'Agata', foram os materiais que apresentaram os maiores percentuais de severidade às raças testadas, exceto ao isolado Pi 151. Já o padrão de resistência, CIP 392.617-54, manteve-se com as menores porcentagens de severidade frente aos sete isolados, variando de 0,00 a 20,00%.

Ainda, em relação aos genótipos com menores valores de severidade, 'BRS Clara' e F21-07-09 agruparam-se com CIP 392.617-54 frente à inoculação com os isolados Bj-04 (raça 7), Clar-2 (raça 1, 3, 7, 10, 11), Pi 151 (1, 3, 4, 7, 8, 10 e 11) e Sja-12 (raça 0), F63-10-07 com o padrão de resistência, CIP 392.617-54, frente aos isolados Bj-04, Pel-4, Pi-151 e Sja-12; e F50-08-01 com o padrão de resistência, CIP

392.617-54, na interação com os isolados Clar-2, Pel-4 (0, 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 10 e 11), Pi 151 e Cri-02 (raça 1 e 11). Para o restante dos genótipos avaliados, menores valores de severidade de *P. infestans* foram obtidos com menor número de raças.

Analisando-se as reações dos genótipos inoculados com a raça '0', os menores valores de severidade foram observados nos clones F63-10-07, F21-07-09, e CIP 392.617-54, e na cultivar BRS Clara, onde, de uma maneira geral, foram observados os menores percentuais de severidade do patógeno.

Tabela 8: Médias de severidade (%) *in vitro* de sete isolados de *Phytophthora infestans* em folíolos destacados de 19 genótipos de batata. Pelotas/RS, 2018.

| Genótipo | Isolado (Raças-genes de virulência) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|------------------|-------------------------------------|----------------|----------------|---------------------------|---|---|------------------------------------|---|---|---------------------|---|---|----------------------------|---|---|--------------------|---|---|-------------|---|---|
| | BJ-04 (0,7) | | | CLAR 2 (0,1,3,7,10,11) | | | PEL 4 (0,1,2,3,4,6,7,8,9,10,11) | | | CRI-9 (0,3,7,11) | | | PI151 (1,3,4,7,8,10,11) | | | CRI-02 (0,1,11) | | | SJA-12 0 | | |
| Agata | 99,33 | A ¹ | a ² | 83,33 | A | a | 100,00 | A | a | 100,00 | A | a | 90,00 | A | a | 96,67 | A | a | 99,33 | A | a |
| Asterix | 92,67 | A | a | 66,67 | A | a | 80,00 | A | a | 100,00 | A | a | 0,00 | B | c | 93,33 | A | a | 92,67 | A | a |
| Innovator | 85,00 | A | a | 40,00 | B | b | 94,67 | A | a | 100,00 | A | a | 78,33 | A | a | 28,33 | B | c | 85,00 | A | a |
| F131-08-06 | 83,33 | A | a | 63,33 | A | a | 96,67 | A | a | 80,00 | A | a | 0,00 | B | c | 90,00 | A | a | 100,00 | A | a |
| IAC Ibituaçu | 83,33 | A | a | 6,67 | C | d | 55,00 | B | a | 60,00 | B | a | 0,00 | C | c | 45,33 | B | c | 100,00 | A | a |
| F183-08-01 | 83,33 | A | a | 0,00 | B | d | 82,67 | A | a | 75,00 | A | a | 2,00 | B | c | 11,67 | B | d | 55,00 | A | b |
| F37-08-01 | 80,00 | A | a | 60,00 | A | a | 90,00 | A | a | 71,67 | A | a | 0,00 | B | c | 86,67 | A | a | 80,00 | A | a |
| BRS F63 (Camila) | 71,67 | A | a | 31,67 | B | b | 23,33 | B | b | 98,33 | A | a | 0,00 | C | c | 65,00 | A | b | 71,67 | A | a |
| BRS Ana | 70,00 | A | a | 15,33 | B | c | 91,67 | A | a | 100,00 | A | a | 30,00 | B | b | 49,33 | B | b | 70,00 | A | a |
| CL 308 | 60,00 | A | b | 70,00 | A | a | 94,33 | A | a | 98,33 | A | a | 0,00 | C | c | 82,67 | A | a | 38,33 | B | b |
| BRS Pérola | 55,00 | A | b | 46,67 | A | b | 63,33 | A | a | 90,00 | A | a | 0,00 | B | c | 70,00 | A | b | 53,33 | A | b |
| F50-08-01 | 50,00 | A | b | 21,67 | B | c | 28,33 | B | b | 60,00 | A | a | 5,00 | C | c | 0,00 | C | d | 50,00 | A | b |
| Ludmilla | 46,67 | B | b | 36,67 | B | b | 96,00 | A | a | 92,67 | A | a | 6,67 | C | c | 45,33 | B | c | 46,67 | B | b |
| F63-10-13 | 46,67 | A | b | 0,00 | D | d | 83,33 | A | a | 75,00 | A | a | 41,67 | B | b | 23,33 | C | c | 46,67 | B | b |
| EPAGRI Catucha | 40,00 | A | b | 66,67 | A | a | 80,00 | A | a | 73,33 | A | a | 56,67 | A | b | 56,67 | A | b | 40,00 | A | b |
| F63-10-07 | 3,33 | C | c | 15,67 | B | c | 30,33 | B | b | 60,00 | A | a | 0,00 | C | c | 93,33 | A | a | 3,33 | C | c |
| BRS Clara | 0,00 | B | c | 0,00 | B | d | 89,33 | A | a | 53,33 | A | a | 0,00 | B | c | 95,00 | A | a | 0,00 | B | c |
| F21-07-09 | 0,00 | B | c | 0,00 | B | d | 83,33 | A | a | 83,33 | A | a | 0,00 | B | c | 86,67 | A | a | 0,00 | B | c |
| CIP 392.617-54 | 0,00 | A | c | 0,00 | A | d | 20,00 | A | b | 0,00 | A | b | 0,00 | A | c | 0,00 | A | d | 0,00 | A | c |
| CV (%) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 20,27 | | |

¹Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na horizontal pertencem ao mesmo grupo, segundo o teste de Scott & Knott, ao nível de 5% de probabilidade de erro; ²Médias seguidas pela mesma minúscula na vertical pertencem ao mesmo grupo, segundo o teste de Scott & Knott, ao nível de 5% de probabilidade de erro.

2.3.2.2 Avaliação *in vitro* da severidade de requeima em discos foliares de diferentes genótipos de batata

A análise da variância demonstrou interação significativa entre genótipos e isolados de *P. infestans* ao nível de 5% de probabilidade de erro, cujo coeficiente de variação (23,42%) foi semelhante ao do bioensaio com folha destacada (Tabela 9).

Tabela 9: Resumo da análise de variância, para o caráter severidade da doença (SEV%), em 19 genótipos de batata, inoculados com sete isolados de *Phytophthora infestans*. Pelotas/RS, 2018.

| Fonte de variação | GL | QM SEV% |
|-------------------|-----|---------|
| Blocos/Isolados | 18 | 0,34 |
| Genótipos (G) | 18 | 13,96** |
| Isolados (I) | 5 | 43,33** |
| G X I | 90 | 1,49** |
| Resíduo | 324 | 0,27 |
| Total | | |
| CV (%) | | 23,42 |

**Significativo a 5% de probabilidade de erro.

De acordo com a Tabela 10, Cri-02 (0, 1, 11) foi o isolado mais agressivo e Clar-2 (0, 1, 3, 7, 10, 11) e Bj-04 (0, 7), os menos agressivos, cujo maior índice de severidade observado foi 2,50 no clone CL 308, para ambos os isolados.

Embora a comparação entre isolados no mesmo genótipo tenha levado a diferenças significativas em todos os tratamentos, até mesmo nos genótipo padrão de suscetibilidade, 'Agata', e de resistência, CIP 392.617-54, os menores índices de severidade foram observados no clone CIP 392.617-54, e os maiores no clone CL 308 e cultivares Agata e BRS Pérola.

Analisando-se a severidade dos genótipos por isolado, os menores valores foram do clone CIP 392.617-54, seguido da cultivar EPAGRI Catucha com os isolados Campo 2, Cri-02, Clar-2, Cri-9 e Bj-04; do clone F183-08-01, comparativamente ao padrão resistente, CIP 392.617-54, com os isolados Cri-2, Sja-12, Clar-2, Cri-9 e Bj-04; e da cultivar BRS Clara, com os isolados Campo 2, Cri-2 e Bj-04.

Quanto às reações dos genótipos inoculados com a raça '0', de uma maneira geral, os menores valores de severidade do patógeno foram observados nos clones CIP 392.617-54, padrão de resistência, e F183-08-01.

Tabela 10: Escalas de severidade *in vitro* de seis isolados de *Phytophthora infestans* em discos foliares de 19 genótipos de batata. Pelotas/RS, 2018.

| Genótipo | Isolado (Raças-genes de virulência) | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|------------------|-------------------------------------|----------------|----------------|-------------------|---|---------------|------|---------------------------|---|---------------------|---|----------------|------|---|---|-------|---|---|
| | Campo 2 (1,2,3,4,5,6,7,8,9,11) | | | Cri-2 (0,1,11) | | Sja-12 (0) | | Clar-2 (0,1,3,7,10,11) | | Cri-9 (0,3,7,11) | | Bj-04 (0,7) | | | | | | |
| CL 308 | 5,00 | A ¹ | a ² | 5,00 | A | a | 4,00 | B | a | 2,50 | C | a | 3,75 | B | a | 2,50 | C | a |
| Agata | 4,50 | A | a | 3,50 | B | c | 4,00 | A | a | 2,25 | D | a | 3,00 | C | b | 2,00 | D | a |
| BRS Pérola | 3,75 | A | b | 4,00 | A | b | 4,50 | A | a | 2,75 | B | a | 3,00 | B | b | 1,00 | C | b |
| Innovator | 2,75 | A | c | 3,50 | A | c | 3,00 | A | b | 2,25 | B | a | 3,25 | A | b | 1,50 | C | a |
| IAC Ibituaçu | 2,50 | B | c | 4,00 | A | b | 2,00 | B | c | 2,00 | B | a | 2,50 | B | b | 1,75 | B | a |
| F21-07-09 | 2,25 | A | c | 3,25 | A | c | 2,75 | A | b | 1,00 | B | b | 2,75 | A | b | 1,00 | B | b |
| F63-10-13 | 2,00 | B | d | 4,75 | A | a | 2,50 | B | c | 1,00 | C | b | 4,25 | A | a | 1,00 | C | b |
| F63-10-07 | 2,00 | B | d | 2,75 | A | d | 2,25 | A | c | 1,50 | B | b | 2,50 | A | b | 1,50 | B | a |
| Ludmilla | 1,75 | C | d | 4,00 | A | b | 3,00 | B | b | 1,25 | C | b | 3,25 | B | b | 1,00 | C | b |
| F37-08-01 | 1,75 | C | d | 4,25 | A | b | 3,75 | A | a | 2,50 | B | a | 2,75 | B | b | 1,50 | C | a |
| F131-08-06 | 1,75 | B | d | 3,50 | A | c | 2,50 | B | c | 1,75 | B | a | 4,00 | A | a | 2,00 | B | a |
| BRS Ana | 1,75 | B | d | 2,25 | A | d | 2,25 | A | c | 1,50 | B | b | 2,25 | A | c | 1,25 | B | b |
| F50-08-01 | 1,50 | C | d | 3,25 | B | c | 4,00 | A | a | 1,75 | C | a | 3,00 | B | b | 1,50 | C | a |
| Asterix | 1,50 | B | d | 2,50 | A | d | 3,00 | A | b | 1,50 | B | b | 2,00 | B | c | 1,00 | B | b |
| F183-08-01 | 1,25 | B | d | 2,25 | A | d | 1,50 | B | d | 1,50 | B | b | 1,25 | B | d | 1,25 | B | b |
| EPAGRI Catucha | 0,75 | B | e | 2,25 | A | d | 2,00 | A | c | 1,25 | B | b | 1,25 | B | d | 1,00 | B | b |
| BRS Clara | 0,50 | C | e | 3,25 | A | c | 2,00 | B | c | 1,00 | C | b | 3,00 | A | b | 0,50 | C | b |
| BRS F63 (Camila) | 0,00 | C | e | 3,00 | A | c | 2,25 | A | c | 1,00 | B | b | 2,50 | A | b | 1,25 | B | b |
| CIP 392.617-54 | 0,00 | B | e | 0,50 | A | e | 0,75 | A | e | 0,00 | B | c | 1,00 | A | d | 0,25 | B | b |
| CV (%) | - | | | - | | | - | | | - | | | - | | | 23,42 | | |

¹Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na horizontal pertencem ao mesmo grupo, segundo o teste de Scott & Knott, ao nível de 5% de probabilidade de erro; ²Médias seguidas pela mesma minúscula na vertical horizontal pertencem ao mesmo grupo, segundo o teste de Scott & Knott, ao nível de 5% de probabilidade de erro.

Os ensaios laboratoriais são importantes para auxiliar os melhoristas a rejeitar parte do material suscetível de avaliação inicial, minimizando assim os ensaios de campo, que são necessários para a correta seleção de materiais resistentes (MICHALSKA et al., 2011). Avaliações laboratoriais de resistência foliar a *P. infestans* geralmente são feitas por folíolos destacados (SHARMA et al., 2013).

No presente estudo, o método de discos foliares não se mostrou tão eficiente quanto o teste de folíolos destacados, pois, o índice de notas de severidade foi menos preciso do que o método de folíolos destacados, além mais trabalhoso.

Os sete isolados de *P. infestans* utilizados neste estudo apresentam diferenças, variando em complexidade e agressividade. Os efeitos dos diferentes isolados de *P. infestans* foram mensurados através da porcentagem de área foliar infectada e por índices de severidade, as quais demonstraram diferenças para a maioria dos genótipos. Porém, ocorreram algumas similaridades entre os genótipos com os isolados, nos dois testes *in vitro*. Os isolados mais complexos não apresentaram a maior agressividade, e para uma melhor compreensão disso seria necessária a realização de novos testes tanto *in vitro* como a campo, para verificar se o resultado se mantém.

Dos 19 genótipos selecionados para compor os experimentos *in vitro* nos dois experimentos, os genótipos F21-07-09 e BRS Clara apresentaram reações que demonstram a presença de gene maior R, característico da resistência vertical, que pode também estar associada com a resistência quantitativa. Esta interpretação também foi proposta por Rocha (2015). O clone F21-07-09 e a cultivar BRS Clara possuem a cultivar White Lady como genitor comum, da qual podem ter herdado o gene de resistência maior, gene R, que confere resistência qualitativa.

Já a cultivar EPAGRI Catucha apresentou bom nível de resistência quantitativa e ausência de gene R, resistência qualitativa, como relatado em outros trabalhos (CASA-COILA, 2014; ROCHA, 2015). Os genótipos F50-08-01 e F63-10-07 revelaram a presença de genes menores, característicos da resistência quantitativa, ambos os clones resultaram de cruzamentos tendo como genitor feminino a cultivar Rioja.

Nos dois testes *in vitro* os genótipos quando inoculados com a raça 0, a qual indica a possibilidade do genótipo apresentar em sua constituição a presença de algum gene R oriundo de *Solanum demissum* (LANDEO ET AL., 1995), apenas três genótipos não apresentaram infecção, 'BRS Clara' e F21-07-09, comprovando a

presença de gene R e a resistência qualitativa, pois esta raça do patógeno é incapaz de infectar um genótipo de batata possuindo qualquer gene R. Outro genótipo que não apresentou reação à doença foi o clone CIP 617.394-54, o qual é altamente resistente.

Apesar das condições dos testes a campo serem similares às condições que se encontram em cultivos comerciais, os testes *in vitro* são importantes por serem mais rápidos e de fácil avaliação, especialmente quando se tem um número grande de amostras, que torna inviável a inoculação a campo.

Além dos elementos climáticos que influem sobre o desenvolvimento da doença, a relação patógeno-hospedeiro é o que define o estabelecimento da doença na planta (DE WOLF; ISARD, 2007). A planta também possui mecanismos de defesa atuando contra o patógeno, no caso do trabalho *in vitro*, nem todos estes fatores atuam, o que pode gerar uma relação entre patógeno-hospedeiro diferente do que ocorre no campo.

Na verdade, obtém-se diferentes informações de laboratórios e campo. Ensaio laboratoriais podem auxiliar os melhoristas a rejeitar parte do material em gerações iniciais de seleção sem nenhuma resistência observada, para minimizar ensaios de campo, o que é necessário para a correta seleção de clones resistentes, como afirmado por Stewart et al. (1983) e Dorrance e Inglis (1997).

2.4 Conclusões

À luz dos resultados obtidos conclui-se que:

- Os 19 genótipos de batata apresentam diferentes níveis de resistência ao oomiceto *Phytophthora infestans* em condições de campo, existindo genótipos com resistência qualitativa e quantitativa.
- Os genótipos classificam-se como: ‘EPAGRI Catucha’, resistente à requeima; ‘IAC Ibituaçu’ e o clone F50-08-01, moderadamente resistentes; ‘BRS F63’ (Camila), F63-10-07, ‘BRS Pérola’, F63-10-13, F183-08-01 e F37-08-01, moderadamente suscetíveis; F131-08-01, F21-07-09, ‘BRS Clara’, ‘Innovator’, ‘BRS Ana’, ‘Asterix’, ‘Ludmilla’ e CL 308, altamente suscetíveis.
- O método de folíolos destacados oferece melhores resultados para avaliação da resistência à requeima do que o método dos discos foliares. No entanto, o método a campo é o mais próximo das condições reais de cultivo.

3. CAPÍTULO II – Potencial de geração de populações híbridas de dois genitores de batata (*Solanum tuberosum* L.) com resistência à *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary

3.1 Introdução

Phytophthora infestans (Mont.) De Bary, o agente causal da requeima da batata (*Solanum tuberosum* L.) e do tomateiro, é uma grande preocupação nos agros ecossistemas desde meados da década de 1840. Às vezes, o impacto desta doença vegetal pode ser devastador para seres humanos, como o exemplo da fome da batata na Irlanda, que ocorreu em meados da década de 1840 (FRY, 2016).

O desenvolvimento de clones resistentes a *P. infestans*, é uma das prioridades em programas de melhoramento de batata em todo o mundo. A urgência de obter cultivares resistentes foi intensificada por causa da recente propagação de formas mais virulentas do patógeno, que anteriormente eram restritas ao México (EWING et al., 2000).

Em meados da década de 1990 surgiram e se disseminaram novas raças de *P. infestans*, que são mais agressivas e resistentes ao *metalaxyl* (FRY; GOODWIN, 1997). Desde então, a estratégia de controle deixou de ser primeiramente por químicos; passou a incluir o uso de cultivares resistentes, que constitui o método mais viável para controle da doença. Com isso, o melhoramento genético para resistência a esse patógeno tornou-se um dos principais objetivos da maioria dos programas (BISOGNIN, 2003).

No melhoramento para resistência, a primeira etapa é a realização de cruzamentos entre clones não adaptados, resistentes à requeima e tubérculos de alta qualidade com clones ou cultivares adaptadas e de curta dormência, para possibilitar a combinação dos caracteres, ampliar a base genética e aumentar a eficiência do melhoramento (HAYNES; THILL, 2002).

Durante a primeira metade do século XX, a estratégia de melhoramento foi a utilização dos principais genes dominantes (genes R), que haviam sido descobertos na espécie silvestre de batata *S. demissum*, originária do México. (MALCOLMSON;

BLACK, 1966). No entanto, em meados dos anos 1960 na Europa e em outros lugares, ficou claro que esses genes R não iriam conferir resistência durável, individualmente ou em combinação, devido ao surgimento de novas raças de *P. infestans* (FRY, 2008). Como consequência, em muitos programas de melhoramento, iniciou-se a seleção para resistência quantitativa, utilizando-se de inoculação artificial de raças de *P. infestans* compatíveis com os genes R presentes no germoplasma local, ou através da criação de germoplasma livre de genes R, permitindo assim, que a avaliação para resistência quantitativa pudesse ser feita pelo uso de qualquer raça do patógeno (STEWART et al., 2003).

O desenvolvimento de novos genótipos é um processo contínuo nos programas de melhoramento, mas a obtenção de uma cultivar comercial pode levar muitos anos (FORBES, 2012). A agregação de uma única característica a uma nova cultivar, como a resistência a uma doença específica, envolve um processo complexo, demorado e caro de melhoria genética. Por exemplo, cultivares completamente resistentes a doenças e adaptadas a diferentes ambientes, ainda são necessárias. Da mesma forma, a conservação de suas características ao longo do tempo requer a aplicação de rigorosos processos de controle de pureza e qualidade desse material (CABRERA, 2017)

Portanto, o objetivo do estudo foi comparar dois genótipos de batata quanto à capacidade de geração de populações híbridas para resistência à *P. infestans*.

3.2 Material e Métodos

3.2.1 Populações de estudo

Foram avaliadas duas cultivares de batata, BRS Clara e BRS Eliza, rotineiramente utilizadas como genitores no programa de melhoramento genético de batata da Embrapa, visando o desenvolvimento de clones com resistência a *P. infestans*.

A cultivar BRS Clara foi desenvolvida pelo programa de melhoramento da Embrapa, possuindo elevado potencial produtivo, tubérculos com conteúdo médio de matéria seca, e resistência à requeima (PEREIRA, 2013). A cultivar BRS Eliza também desenvolvida pela Embrapa, se distinguindo pela excelente aparência de tubérculos e boa resistência de campo à requeima e à pinta preta (PEREIRA et al.,

2001). O clone C1883-22-97 apresenta baixos teores de açúcar redutor, extrema resistência ao PVY (KNEIB et al., 2017) e suscetibilidade à requeima. Este clone foi utilizado como genitor em cruzamentos com BRS Clara e BRS Eliza, dando origem a duas populações híbridas.

3.2.2 Produção de inóculo

O isolado de *P. infestans* de batata utilizado no presente estudo foi Pi151, proveniente da coleção de microrganismos do Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Clima Temperado. O isolado pertence ao grupo de compatibilidade A2, possuindo sete genes de virulência (raça 1, 3, 4, 7, 8, 10 e 11).

A preparação do inóculo se deu em de placas de Petri contendo micélios e esporângios de cada isolado de *P. infestans*, repicados 25 dias antes e mantidos em câmara de crescimento a temperatura de 17°C e fotoperíodo de 16 h. Para a preparação das respectivas suspensões as placas de Petri foram lavadas com água destilada e calibradas para conter 10^4 esporângios do oomiceto/mL⁻¹ de suspensão.

3.2.3 Avaliação a campo

As populações foram avaliadas no período de outono de 2017, no campo experimental da sede da Embrapa Clima Temperado, Pelotas-RS, localizado a latitude 31° 42' S e longitude 52° 24' W e altitude de 57 m. Foram plantados 120 mini tubérculos de cada uma das duas populações em primeira geração de campo (G1), sendo um indivíduo (genótipo) por parcela. O delineamento experimental foi em blocos aumentados, com quatro repetições das testemunhas. Cada população foi distribuída em todos os blocos. As testemunhas foram os três genótipos utilizados nos cruzamentos, C1883-22-97, 'BRS Eliza' e 'BRS Clara'. Os espaçamentos adotados foram de 0,40 entre plantas e 0,80 entre fileiras.

Decorridos 30 dias após o plantio, as plantas foram inoculadas artificialmente com uma suspensão do isolado de *P. infestans*. A inoculação foi realizada utilizando um pulverizador costal para distribuição uniforme no dossel do experimento, sendo realizada no final da tarde, com as folhas das plantas umedecidas brevemente, com água destilada aplicada com pulverizador. Esta umidade favorece a germinação dos esporos e, conseqüentemente, o desenvolvimento da doença.

Passados sete dias da inoculação, cada planta foi avaliada quanto à severidade da doença, em porcentagem de área foliar necrosada. As avaliações foram realizadas baseando-se na escala gráfica de severidade de doença proposta por JAMES (1971), com intervalos constantes de três dias. Com os dados de severidade foi calculada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para cada indivíduo da população, utilizando o programa GW Basic (MAFFIA, 1986).

3.2.4 Análise estatística

Os valores de AACPD dos genótipos foram analisados via modelos mistos. Para análise, utilizou-se o programa computacional Sistema Estatístico e Seleção Genética, SELEGEN REML/BLUP, desenvolvido pela EMBRAPA (RESENDE, 2007).

Para realização da análise foi utilizado o modelo 76, o qual está associado à avaliação de genótipos em delineamento de blocos aumentados (RESENDE, 2007):

$$Y = Xf + Zg + Wb + e,$$

onde, y é o vetor de observações, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (médias de testemunhas e médias da população de tratamentos principais, clones), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), X representa a matriz de incidência dos efeitos fixos, Z a matriz de incidência dos efeitos aleatórios (genotípicos) e W , matrizes de incidência para os efeitos ambientais.

As respostas esperadas de seleção foram estimadas segundo Simmonds (1979):

$$R = i.h.\sigma_g,$$

onde, R representa a resposta esperada de seleção, i é a intensidade seleção de 10%, e σ_g é o desvio padrão genético dos clones selecionados.

Para determinação dos intervalos de confiança da resposta de seleção, utilizou-se a equação descrita por Resende (2001):

$$IC = R \pm t [(1 - r^2) \sigma^2]^{1/2},$$

em que, IC representa o intervalo de confiança, R é a resposta esperada de seleção, t é o valor da distribuição t de *Student* associado a determinado nível de confiança ($t = 1,96$, para 95% de confiança), r^2 é referente à acurácia e σ^2 , a variância genética.

3.3 Resultados e Discussão

Durante o período entre as inoculações e a última avaliação a campo, a área experimental apresentou temperatura média do ar de 14,53°C, máxima de 19,5°C e mínima de 10,7°C, a umidade do ar oscilou de 66,1 a 95,9%, com média de 85,4%, e a precipitação pluvial foi 69,2 mm. Estes valores, relacionados aos elementos climáticos, são considerados adequados ao desenvolvimento de *P. infestans* no campo (MIZUBUTI, 2005).

Os genitores escolhidos para este estudo representam genótipos utilizados constantemente nas hibridações no programa de melhoramento da Embrapa. A cultivar BRS Eliza está classificada como moderadamente resistente à requeima (GOMES, 2009), 'BRS Clara' como resistente à requeima (PEREIRA, 2013), enquanto o clone C1883-22-97, genitor em comum das duas populações, apresenta reação suscetível à requeima, apresenta baixo teor de açúcares redutores (PEREIRA, 2005), que é um caráter muito importante no desenvolvimento de cultivar destinada à indústria de processamento (BRADSHAW, 2009).

A comparação entre as médias das duas populações de 120 indivíduos (genótipos) de cada uma, detectou diferença para o caráter área abaixo da curva de progresso (AACPD). As médias de AACPD dos genitores foram: 'BRS Eliza' 44,00, clone C1883-22-97 160,93, e 'BRS Clara' 228,00. A média dos indivíduos da população derivada do cruzamento 'BRS Clara' x C1883-22-97 foi 187,08, sendo inferior à média de ambos os genitores, enquanto a média da população derivada do cruzamento 'BRS Eliza' x C1883-22-97 (110,48) foi superior a médias de seus genitores, indicando efeitos de dominância do caráter AACPD. No entanto, esta última população apresentou uma média de AACPD menor quando comparada à outra população.

Os valores de AACPD dos 120 indivíduos (genótipos) da população derivada do cruzamento BRS Clara x C1883-22-97 está representada na Figura 1. Cinquenta e cinco indivíduos apresentaram valores de AACPD entre 0,00 e 159,00, os quais foram menores que a menor média da 'BRS Clara'; 26 indivíduos apresentaram valores intermediários às médias dos pais, entre 160,00 a 225,00 de AACPD; e 39 indivíduos apresentaram valores de AACPD superiores aos pais, de 237,00 a 585,00.

A população derivada do cruzamento BRS Eliza x C1883-22-97, representada na Figura 2, também foi composta por 120 indivíduos, e apresentou 48 indivíduos com valores de AACPD abaixo do valor da mãe 'BRS Eliza' (44,00), variando de 0,00 a 40,50; 40 indivíduos obtiveram valores intermediários de AACPD às médias dos pais (44,00 a 160,93), variando de 45,00 a 150,00; e 32 indivíduos apresentaram AACPD acima de 163,50 até 535,00.

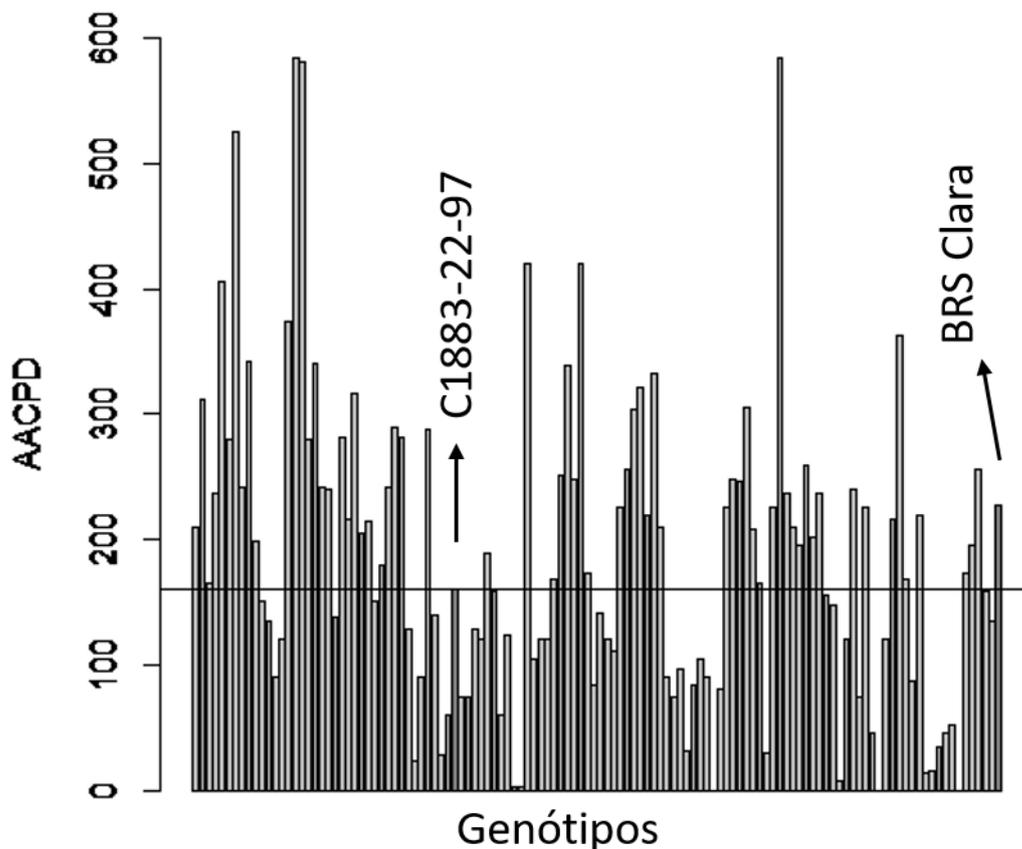


Figura 1: Valores da área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD) dos 120 indivíduos (genótipos) da população derivada do cruzamento 'BRS Clara' x C1883-22-97 e de seus genitores. Pelotas/RS, 2018.

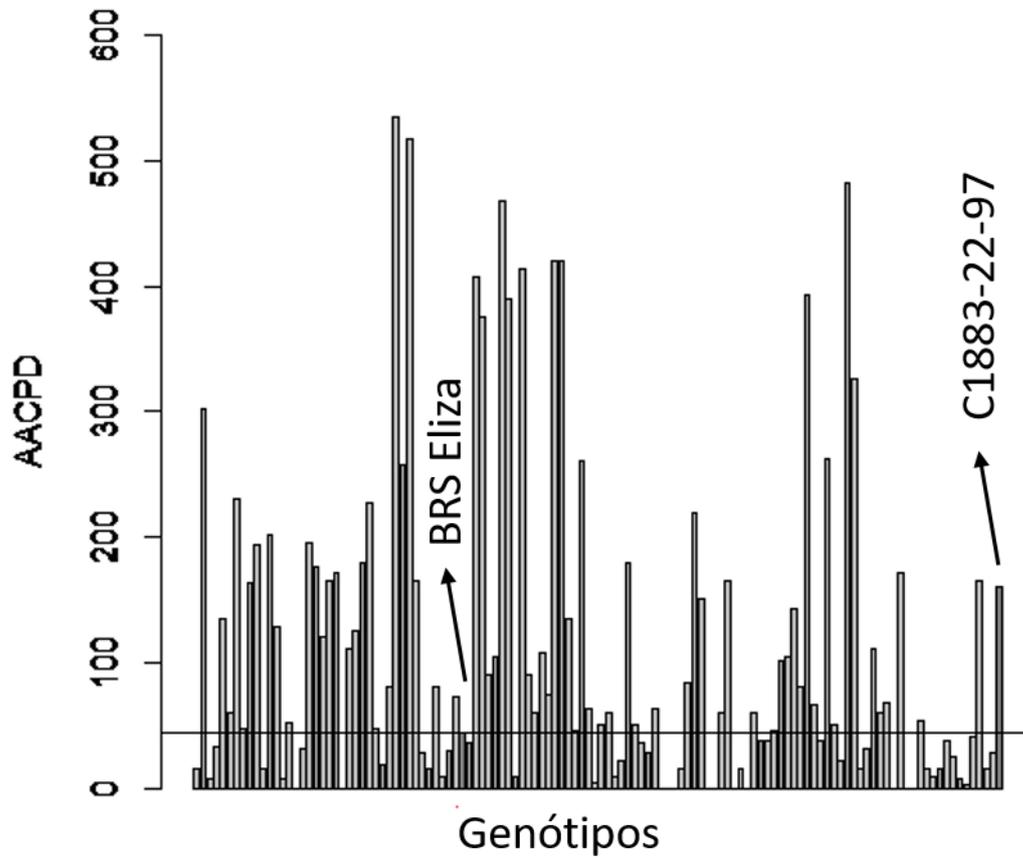


Figura 2: Valores da área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD) dos 120 indivíduos (genótipos) da população derivada do cruzamento 'BRS Eliza' x C1883-22-97 e de seus genitores. Pelotas/RS, 2018

Os resultados dos componentes de variância genética entre populações e os resultados de parâmetros genéticos, estão apresentados na Tabela 1. As estimativas dos componentes de variância foram realizadas para o caráter AACPD.

Tabela 1: Estimativas dos componentes de variância para o caráter área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD), de duas populações híbridas. Pelotas/RS, 2018.

| | Componentes de variância (REML individual) | |
|----------------|--|-------------------------|
| | BRS Clara x C1883-22-97 | BRS Eliza x C1883-22-97 |
| Vg* | 9856,54 | 11089,67 |
| Vf | 14901,56 | 16182,22 |
| h ² | 0,66 | 0,68 |
| R | 141,71 (133,20; 150,21) | 152,56(144,02; 161,09) |
| Acgen | 0,81 | 0,82 |
| Média geral | 187,08 | 110,48 |

*VG = variância genotípica; h² = herdabilidade da população no sentido amplo; R = resposta esperada de seleção; Acgen = acurácia da seleção de genótipos.

Em programas de melhoramento, no processo de desenvolvimento de novas cultivares, busca-se gerar populações com baixas médias de AACPD, e ampla variância genética para os caracteres de interesse (SIMMONDS, 1979). Examinando as variâncias genéticas das duas populações, verifica-se maior estimativa para a população derivada do cruzamento BRS Eliza x C1883-22-97, que pode ser atribuída à maior divergência genética entre os genitores. Entretanto, vale ressaltar, que essas estimativas dos componentes de variância estão superestimadas pela interação genótipo x ambiente, pois os dados foram obtidos em um único ambiente.

As herdabilidades (sentido amplo) estimadas para as duas populações foram de magnitude moderada. As estimativas de herdabilidade são afetadas pelas condições ambientais e pela escolha dos genótipos avaliados (ROCHA, 2015).

A obtenção de genótipos superiores requer métodos de seleção capazes de explorar eficientemente o material genético disponível, maximizando a resposta de seleção em relação aos caracteres de interesse (ODA et al., 2007). A resposta esperada de seleção serve de indicativo para a escolha de população a ser utilizada no desenvolvimento de cultivares (ALLARD, 1960). A resposta de seleção esperada para o caráter AACPD, aplicando 10% de intensidade de seleção, foi maior para a população derivada do cruzamento 'BRS Eliza' x C1883-22-97 (152,56) do que para a população derivada do cruzamento 'BRS Clara' x C1883-22-97 (141,71). Entretanto, esta diferença não foi significativa, indicada pelos intervalos de confiança, que foram superpostos (133,20 a 150,21 para população de 'BRS Clara' x C1883-22-97 e 144,02 a 161,09 para população de 'BRS Eliza' x C1883-22-97).

Embora neste estudo as populações não tenham diferido quanto à resposta de seleção para o caráter AACPD, houve diferenças significativas entre as médias das duas populações, com menor média (maior resistência) da população derivada do cruzamento 'BRS Eliza' x C1883-22-97. Portanto, o cruzamento com a cultivar BRS Eliza, que é classificada como moderadamente resistente, resultaria em uma população selecionada com menor média de AACPD, isto é, maior resistência à requeima. Ewing *et al.* (2000), trabalhando com populações de batata originadas de cruzamentos interespecíficos entre *Solanum tuberosum* e *S. berthaultii*, verificaram que introgressões de genes de resistência à requeima presentes em *S. berthaultii* possibilitaram reduções nos níveis de desenvolvimento da doença, sendo observadas diferenças de AACPD entre progênies de 175 para mais de 400 unidades. De acordo com esses autores, diferenças de AACPD de até 200 unidades apresentam impactos significativos no desenvolvimento da epidemia de *P. infestans* e requerimento de tempo de aplicação de fungicida.

A alta precisão da inferência dos valores genotípicos é evidenciada pela acurácia, e tem propriedade de informar sobre o correto ordenamento dos genótipos para fins de seleção, além da eficácia da inferência acerca do valor genotípico do genótipo, sendo uma correlação dos valores genotípicos preditos e os verdadeiros (RESENDE, 2002). Pelos resultados demonstrados, de acordo com Resende e Duarte (2007), as acurácias estão com valores altos para as duas populações (0,81 e 0,82), indicando a alta precisão.

Os resultados deste estudo, são de caráter inovador, uma vez que na literatura ainda não se tem informações disponíveis a respeito da combinação de genitores para obtenção de populações superiores para a resistência à *P. infestans*. Portanto, novas combinações com genitores de diferentes níveis de reação a *P. infestans* devem ser estudados a fim de identificar populações promissoras e contribuir para o aumento da eficiência de programas de melhoramento.

3.4 Conclusão

A cultivar BRS Eliza apresenta superioridade como genitor para a geração de população híbrida para resistência a *Phytophthora infestans*, em comparação com a cultivar BRS Clara.

5. Considerações Finais

A requeima da batata é considerada uma das doenças mais destrutivas, e a maneira mais barata de realizar o seu controle é a utilização de cultivares resistentes, no entanto o Brasil é carente em cultivares comerciais resistentes, o que torna de extrema importância o desafio de desenvolvimento de genótipos com resistência.

Na busca de contribuir para o desenvolvimento de cultivares de batata com resistência a *Phytophthora infestans*, foram desenvolvidos dois estudos, cujos resultados são interessantes ao desenvolvimento de estratégias para o melhoramento, visando à obtenção de genótipos com resistência durável.

O primeiro estudo referente à caracterização de genótipos a *P. infestans* utilizando diferentes métodos, revelou diferenças de níveis de resistência entre genótipos aos diferentes isolados de *P. infestans*. Os 19 genótipos foram classificados em altamente suscetíveis, moderadamente suscetíveis, moderadamente resistentes e altamente resistentes, havendo genótipos com resistência qualitativa e quantitativa. Para a rápida classificação dos genótipos, dentre os dois métodos *in vitro* utilizados, método das folíolos destacados e discos foliares, o primeiro oferece melhores resultados.

O desenvolvimento de novos genótipos é um processo que se realiza com a geração e avaliação de progênies. Para facilitar, é preciso dispor de conhecimento sobre genitores que oferecem maior potencial de geração de populações superiores, aumentando a eficiência do melhoramento. Neste sentido, o segundo estudo revelou que a cultivar BRS Eliza apresenta superioridade como genitor para a geração de população híbrida para resistência a *P. infestans*, em comparação com a cultivar BRS Clara.

REFERÊNCIAS

- AKINO, S.; TAKEMOTO, D.; HOSAKA, K. *Phytophthora infestans*: a review of past and current studies on potato late blight. **Journal of General Plant Pathology**, v.80, n. 1, p. 24-37, 2014.
- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. New York: Wiley, 1960. 485 p.
- BATISTA, D. C., LIMA, M.A., HADDAD, F., MAFFIA, A., MIZUBUTI, E. S. G. Validation of decision support systems for tomato early blight and potato late blight, under Brazilian conditions. **Crop Protection**, v. 25, p. 664-670, 2006.
- BISOGNIN, D. A.; DOUCHES, D. S.; JASTRZEBSKI, K.; KIRK, W. W. Half-sib progeny evaluation and selection of potato's resistant to the US8 genotype of *Phytophthora infestans* from crosses between resistant and susceptible parents. **Euphytica**, v. 125, p. 129-138, 2002.
- BISOGNIN, D. A. Melhoria da batata para a requeima. In.: PEREIRA, A. S.; DANIELS, J. **O cultivo da batata na região Sul do Brasil**. Brasília,: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2003. P. 125-142.
- BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. Breeding strategies for clonally propagated potatoes. In: **Potatoes genetics**. Wallingford: CAB International, 1994, p. 467-497.
- BRADSHAW, J. E.; DALE, M. F. B.; MACKAY, G. R. Improving the yield, processing quality and disease and pest resistance of potatoes by genotypic recurrent selection. **Euphytica**, v. 170, n. 1-2, p. 215-227, 2009.
- CABRERA, L. C. **Cooperation in science: The role of scientific collaboration in the study of diseases in wheat and potato crops**. 2017. 96f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Agronegócio. Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2017.
- CASA-COILA, V. H. **Caracterização de isolados de *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary provenientes de batata do Sul do Brasil associada ao estudo da resistência em *Solanum* spp.** 2014. 126f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Fitossanidade. Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, 2014.
- COILA, V. C., GOMES, C. B., PEREIRA, A. S. STÖCKER, C. M. Avaliação da resistência de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) a requeima (*Phytophthora infestans*). In: XIX CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA e XII ENCONTRO PÓS-GRADUAÇÃO. **Anais** Pelotas: UFPEL, 2010. p. 1–4.
- COLON, L. Eucablight-protocol field test foliar resistance. v. 0, p. 3–5, 2006.
- COLON, L.; NIELSEN, B. J.; DARSOW, U. **Eucablight protocol – Detached leaf test for foliage blight resistance**. Version 1.2. 2004.
- COSTA, R. V., ZAMBOLIM, L., VALE, F. R., MIZUBUTI, E. S. G. Previsão da requeima da batateira. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, n. 4, p. 349-354, 2002.

COX, T. S. Simultaneous selection for major and minor resistance genes. **Crop Science**, v. 35, n. 5, 1995.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

DANIES, G.; SMALL, I. M.; MYERS, K.; CHILDERS, R.; FRY, W. E. Phenotypic characterization of recent clonal lineages of *Phytophthora infestans* in the United States. **Plant Disease**, v. 97, p. 873-881, 2013.

DE WOLF, E. D., ISARD, S.A. Disease cycle approach to plant disease prediction. **Annual Review of Phytopathology**, Dublin, v. 45, n.1, p. 203-220, 2007.

DORRANCE, A. E.; INGLIS, D. A. Assessment of greenhouse and laboratory screening methods for evaluating potato foliage for resistance to late blight. **Plant Disease**, v. 81, p. 1206-1213, 1997.

DOUCHES, D. S., COOMBS, J., FELCHER, K., KIRK, W. Foliar reaction to *Phytophthora infestans* in inoculated potato field trials in Michigan. **American Journal of Potato Research**, v. 81, p. 443-448, 2004.

DUARTE, H. S. S. Resistência de cultivares de batata à requeima. 2009. 61 f. **Dissertação (Mestrado em Fitopatologia)** - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2009.

DUARTE, H. S. S.; ZAMBOLIM, L.; VALE, F. R.; PAUL, P. A.; PADUA, J. G.; JÚNIOR, J. I. R.; JUNIOR, A. F. N.; ROSADO, A. W. C. The field resistance of potato cultivars to foliar late blight and its relationship with foliage maturity type and skin type in Brazil. **Australasian Plant Pathology**, v. 41, n. 2, p. 139–155, 2012.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Catálogo de cultivares de batata**. Documento 273. 51 p., 2015.

EWING, E. E.; SIMKO, I.; SMART, C. D.; BONIERBALE, M. W.; MIZUBUTI, E. S. G.; MAY, G. D.; FRY, W. E. Genetic mapping from field tests of qualitative and quantitative resistance to *Phytophthora infestans* in a population derived from *Solanum tuberosum* and *Solanum berthaultii*. **Molecular Breeding**, v. 6, n. 1, p. 25–36, 2000.

FAOSTAT – Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics Division. Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E>> Acesso em: 15 fev. 2017.

FLIER, W. G.; VAN DEN BOSCH, G. B. M.; TURKENSTEEN, L. J. Stability of partial resistance in potato cultivars exposed to aggressive strains of *Phytophthora infestans*. **Plant Pathology**, v. 52, p. 326-337, 2003.

FOHNER, G. R.; FRY, W. E.; WHITE, G. B. Computer simulation raises question about timing protecting fungicide application frequency according to potato late blight forecast. **Phytopathology**, v. 74, p. 1145-1147, 1984.

FORBES, G. A.; CHCÓN, M. G.; KIRK, H. G.; HUARTE, M. A.; VAN DAMME, M.; DISTEL, S.; MACKAY, G. R.; STEWART, H. E.; LOWE, R.; DUNCAN, J. M.; MAYTON, H. S.; FRY, W. E.; ANDRIVON, D.; ELLISSÉCHE, D.; PELLE, R.; PLATT, H. W.; MACKENZIE, G.; TARN, T. R.; COLON, L. T.; BUDDING, D. J.; SALDAÑA, H.L.; VILCHIS, H.; CAPEZIO, A.S. Stability of resistance to *Phytophthora infestans* in potato: an international evaluation. **Plant Pathology**, v. 54, p. 364-372, 2005.

FORBES, G. A. Using host resistance to manage potato late blight with particular reference to developing countries. **Potato Research**, Dordrecht, v. 55, n. 3-4, p. 205-206, 2012.

FRY, W. E.; GOODWIN, S. B.; MATUSZAK, J. M.; SPIELMAN, L. J.; MILGROOM, M. G. Population genetics and intercontinental migrations of *Phytophthora infestans*. **Annual Review of Phytopathology**, v.30, p.107-129, 1992.

FRY, W. E.; GOODWIN, S.B. Re-emergence of potato and tomato late blight in the United States. **Plant Disease**, v. 87. 1349-1357, 1997.

FRY, W. Review: Plant diseases that changed the world. *Phytophthora infestans*: the plant (and R gene) destroyer. **Molecular Plant Pathology**, v. 9, n. 3, p. 385-402, 2008.

FRY, W. E.; BIRCH, P. R. J.; JUDELSON, H. S.; GRÜNWARD, N. J.; DANIES, G.; EVERTS, K. L.; GEVENS, A. J.; GUGINO, B. K.; JOHNSON, D. A.; JOHNSON, S. B.; MCGRATH, M. T.; MYERS, K. L.; RISTAINO, J. B.; ROBERTS, P. D.; SECOR, G.; SMART, C. D. Five reasons to consider *Phytophthora infestans* a reemerging pathogen. **Phytopathology**, v. 105, n. 7, p. 966–981, 2016.

GOMES, C. B.; PEREIRA, A. da S.; STOCKER, C. M.; BOSENBECKER, V. K. Reação de genótipos de batata à requeima (*Phytophthora infestans*). Embrapa Clima Temperado. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, 83, 2009.16p.

GRIMM, E. L.; HELDWEIN, A.B.; RADONS, S.Z.; MALDANER, I.C.; TRENTIN, G.; BOSCO, L.C. Potato productivity as a function of irrigation and chemical control of Late Blight. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 15, n. 2, p. 125–130, 2011.

GRÜNWARD, N. J.; FLIER, W. G. The biology of *Phytophthora infestans* at its center of origin. **Annual Review of Phytopathology**, v. 43, p. 171-190, 2005.

HARRISON, J. G. Effects of the aerial environment of late blight of potato foliage – a review. **Plant Pathology**, Berkshire, v.41, n. 4, p. 384-416, 1992.

HAYES, R. J.; THILL, C. A. Selection for potato genotypes from diverse progenies that combine 4°C chipping with acceptable yields, specific gravity and tuber appearance. **Crop Science**, v. 42, n. 42, p. 1343-1349, 2002.

HIJMANS, R.J.; SPOONER, D.M. Geographic Distribution of Wild Potatoes Species. **American Journal of Botany**, v.88, p.2101-2112, 2001.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Disponível em <www.ibge.gov.br>. Acessado em: 17/02/2018.

JAMES, W. C. **A manual of disease assessment keys for plant diseases**. Ottawa: Canada Department of Agriculture, 1971. 74 p. (Canada Department of Agriculture. Publication, 1458).

JOHNSON, C. S.; BEUTE, M. K.; RICKER, M. D. Relationship between components of resistance and disease progress of early leaf spot on virginia type peanut. **Phytopathology**, v. 76, p. 495–499, 1986.

KIRK, W. W.; ABU-EL SAMEN, F. M.; MUHINYUZA, J. B.; HAMMERSCHMIDT, R.; DOUCHES, D. S.; THILL, C. A.; GROZA, H.; THOMPSON, A. L. Evaluation of potato late blight management utilizing host plant resistance and reduced rates and frequencies of fungicide applications. **Crop Protection**, Amsterdam, v. 24, n. 11, p. 961-970, 2005.

LANDEO, J. A.; GASTELO, M.; PINEDO, H.; FLORES, F. Breeding for horizontal resistance to late blight in potato free of R genes. in: **Phytophthora infestans 150**. In: DOWLEY E. J.; BANNON, E.; COOKE, L. R.; KEANE, T.; O’SULLIVAN, E. (eds.). Dublin: Boole Press Ltd., 1995. p. 268- 274.

LANDEO, J. A. **Breeding for Host Resistance. Durable resistance: quantitative/qualitative resistance**. Lima: International Potato Center, 2002. p. 29-36.

LIMA, M. A.; MAFIA, L. A.; BARRETO, R. W.; MIZUBUTI, E. S. G. *Phytophthora infestans* in a subtropical region: survival on tomato debris, temporal dynamics of airborne sporangia and alternative hosts. **Plant Pathology**, v. 58, p. 87-99, 2009.

LORENA, B. A. Cultura da Batata. **Boletim da Agricultura**, v. 14, p. 634-640, 1913.

MAFFIA, A. L. **Programa para cálculo de área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) GW-BASIC 3.20**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Fitopatologia, 1986.

MALCOLMSON, J. F.; BLACK, W. New R-genes in *Solanum demissum* Lindl. and their complementary races of *Phytophthora infestans*(Mont.) de Bary. **Euphytica**, v. 15, p. 199–203, 1966.

MAYTON, H.; SMART, C. D.; MORAVEC, B. C.; MIZUBUTI, E. S. G.; MULDOON, A. E.; FRY, W. E. Oospore survival and pathogenicity of single oospore recombinant progeny from a cross involving US-17 and US-8 genotypes of *Phytophthora infestans*. **Plant Disease**, v. 84, p. 1190-1196, 2000.

MICHALSKA, A. M., GUZOWSKA, E. Z., SOBKOWIAK, S., PLICH, J. Resistance of Potato to Stem Infection by *Phytophthora infestans* and a Comparison to Detached

Leaflet and Field Resistance Assessments. **American Journal of Potato Research**, v. 88, n. 4, p. 367–373, 2011.

MIZUBUTI, E. S. G. Requeima ou mela da batata e do tomate. In: LUZ, E. D. N.; SANTOS, A. F.; MATSUOKA, K.; BEZERRA, J. L. (eds.) **Doenças causadas por *Phytophthora infestans* no Brasil**. Campinas: Livraria Editora Rural, 2001. p. 100-174

MIZUBUTI, E. S. G. Custo da requeima. **Cultivar: Hortaliças e Frutas**, v. 32, p. 23-26, 2005.

MIZUBUTI, E. S. G.; FRY, W. E. Potato late blight. In: COKE, B. M.; JONES, D. G.; KAYE, B. (eds.) **The epidemiology of plant disease**. Dorderecht: Springer, 2006. p. 445-471.

NAZARENO, N. R. X.; SCOTTI, C. A.; MAFIOLETT, R. L.; BOSCHETTO, N. Controle da requeima da batata através do monitoramento de variáveis climáticas. **Fitopatologia Brasileira**, v. 24, p.170-174, 1999.

NOWICKI, M.; FOOLAD, M. R.; NOWAKOWSKA, M.; KOZIK, E. U. Potato and tomato late blight caused by *Phytophthora infestans*: An overview of pathology and resistance breeding. **Plant Disease**, v. 96, p. 4-17, 2012.

ODA, S.; MELO, E. J.; SILVA, J. F.; SOUZA, I. C. G. Melhoramento florestal. In: BORÉM, A (Ed.). **Biotecnologia Florestal**. Viçosa: UFV, 2007. P. 51-71.

OJIAMBO, P. S.; NYANAPAH, J. O.; LUNG'AHU, C.; KARINGA, J. K.; KIDANEMARIAN, H. M. Comparing different epidemiological models in field evaluations of selected genotypes from *Solanum tuberosum* CIP population A for resistance to *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary in Kenya. **Euphytica**, v. 111, n. 3, p. 211–218, 2000.

OLIVEIRA, S. A. S. de. **Molecular epidemiology of potato and tomato late blight in Brazil**. 2010. 92 f. Tese (Doutorado em Fitopatologia). Universidade Federal de Viçosa, 2010.

PEREIRA, A. S.; COSTA, D. M.; DANIELS, J.; VENDRUSCOLO, J. S.; FORTES, G. R. L.; BERTONCINI, O.; HIRANO, É.; CHOER, E.; AUGUSTIN, E.; GOMES, C. B. BRS Eliza: cultivar de batata para mesa, com película lisa e resistência à pinta-preta e à requeima. **Horticultura Brasileira**, v. 19, n. 4, p. 258-259, 2000.

PEREIRA, A. da S.; FRITSCH NETO, R.; FERRI, N. L.; VENDRUSCOLO, J. L.; SOUZA, V. Q. de; SILVA, G. O. Teor de açúcares redutores em clones avançados de batata. In: 45º CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 2005, Fortaleza. **Horticultura Brasileira**, 2005. v. 23.

PEREIRA, A. S. da, GOMES, C. B., CASTRO, C. M., SILVA, G. O. da. Melhoramento para resistência a oomicetos. In: FRITSCH-NETO, R.; BORÉM, A. (Org.). **Melhoramento de plantas para condições de estresses bióticos**. 1ed. Viçosa: Editora UFV, v. 1, 2012, p. 25-59.

PEREIRA, A. S.; BERTONCINI, O.; SILVA, G. O.; CASTRO, C. M.; GOMES, C. B.; HIRANO, E.; BORTOLETTO, A. C.; MELO, P. E.; MEDEIROS, C. A. B.; TREPTOW, R. O.; DUTRA, L. F.; LOPES, C. A.; NAZARENO, N. R. X.; LIMA, M. F.; CASTRO, L. A. S.; KROLOW, A. C. R.; SUINAGA, F. A.; REISSER JUNIOR, C. BRS Clara: cultivar de batata para mercado fresco, com resistência à requeima. **Horticultura Brasileira**, v. 31, p. 664-668, 2013.

PEREIRA, A. da S; SILVA, G. O.; CASTRO, C. M. **Melhoramento de batata**. In: NICK, C; BOREM, A (eds.). Melhoramento de hortaliças. Viçosa: Editora UFV, 2016, p. 128-157.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. Piracicaba: Editora FEALQ, ed. 15, 2009. 451 p.

PORTER, L. D.; DASGUPTA, N.; JOHNSON, D. A. Effects of tuber depth and soil moisture on infection of potato tubers in soil by *Phytophthora infestans*. **Plant Disease**, v. 89, p. 146-152, 2005.

RAUBER, L. P.; BOFF, M. I. C.; SILVA, Z. da.; FERREIRA, A.; BOFF, P. Manejo de doenças e pragas da batateira pelo uso de preparados homeopáticos e variabilidade genética. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 2, n. 2, p. 1008-1011, 2007.

REIS, A.; SUASSUNA, N. D.; ALFENAS, A. C.; MIZUBUTI, E. S. G. Monitoramento da população de *Phytophthora infestans* na região da zona da mata de Minas Gerais de 1998 a 2000. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, p. 614-620, 2002.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D., FURLANI-JÚNIOR, E. N. E. S., MORAES, M. D.; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, p. 185-193, 2001.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Floresta, 2007. 362p.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen-REML/BLUP**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2002. (Documentos, 77).

ROCHA, D. J. A. **Melhoramento genético de batata para resistência durável a *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary**. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2015.

ROSSI, F.; MELO, P. C.; FILHO, J. A.; AMBROSANO, E. J.; GUIRADO, N.; SCHAMMASS, E. A.; CAMARGO, L. F., Cultivares de batata para sistemas orgânicos de produção. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 3, p. 372-376, 2011.

SANTANA, F. M.; GOMES, C. B.; ROMBALDI, C.; BIANCHI, V. J.; REIS, A. Characterization of *Phytophthora infestans* populations of southern Brazil in 2004 and 2005. **Phytoparasitica**, v. 41, p. 557-568, 2013.

SCHUMAMM, G. L. The Irish potato famine and the birth of plant pathology. **Plant Diseases: Their Biology and Social Impact**. Minnesota: American Phytopathological Society, Cap. 1, 1991. p. 1-24.

SHANER, G.; FINNEY, R. E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**. v. 67, p. 1051-1056, 1977.

SIMMONDS, N. W. **Principles of crop improvement**. New York: Longman, 1979. 480 p.

SOZZI, D.; SCHWINN, F. J.; GISI, U. **Determination of the sensitivity of *Phytophthora infestans* to phenylamides: a leaf disc method**. EPPO Bulletin, v. 22, n. 2, p. 306-309, 1992.

SPOONER, D.M.; HETTERSCHEID, W.L.A. **Origins, Evolution, and Group Classification of Cultivated Potatoes**. In: MOTLEY, T.J; ZEREGA, N.; CROSS, H.(eds) Darwin's Harvest. New York: Columbia University Press, 2006, p. 285-307.

STEWART, H. E.; FLAVELLE, P. H.; MCCALMONT, D. C.; WASTIE, R. L. Correlation between glasshouse and field tests for resistance to foliage blight caused by *Phytophthora infestans*. **Potato Research**, v. 26, p. 41–48. 1983.

STEWART, H. E.; BRADSHAW, J. E.; PANDE, B. The effect of the presence of R-genes for resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) of potato (*Solanum tuberosum*) on the underlying level of field resistance. **Plant Pathology**, v. 52, n. 2, p. 193-198, 2003.

TÖFOLI, J. G.; MELO, P. C. T.; DOMINGUES, R. J.; FERRARI, J. T. Controle da requeima e pinta preta da batata por fungicidas: conceitos, evolução e uso integrado. **Biológico**, São Paulo, v. 75, n. 1, p. 41-52, 2013.

TÖFOLI, J. G.; MELO, P. C. T.; DOMINGUES, R. J.; FERRARI, J. T. Controle da requeima e pinta preta da batata por fungicidas e seu reflexo sobre a produtividade e a qualidade de tubérculos. **Plant Pathology**, v. 83, p.1-12, 2016.

TRIGIANO, R. N.; AMENT, M. H.; LAMOUR, K. H. Oomycota organismos similares a fungos. In: TRIGIANO, R. N.; WINDHAM, M. T.; WINDHAM, A. S. (Ed.). **Fitopatologia conceitos e exercícios de laboratório**. 2ed. Porto Alegre: Editora Artmed, 2010. p. 215-225.

VAN DER PLANK, J. E. **Plant Disease: Epidemics and control**. New York: Academic Press, 1963. 349 p.

WANG, Z.; MACKIL, D. J.; BONMAN, J. M. Inheritance of partial resistance in Indica rice cultivars. **Crop Science**, v. 29, p. 808-853, 1989.

WASTIE, R. L. Breeding for resistance. In: INGRAM, D.S.; WILLIAMS, P. H. (eds.). *Phytophthora infestans: The cause of late blight of potato*. **Advances in Plant Pathology**, 7. San Diego: Academic Press, 1991. p. 193-224.

WHISSON, S. C.; BOEVINK, P. C.; WANG, S.; BIRK, P. R. J. The cell biology of late blight disease. **Current Opinion in Microbiology**, v. 34, p. 127–135, 2016.

ZADOKS, J. C.; SCHEIN, R. D. **Epidemiology and plant disease management**. New York: Oxford University, 1979. 427p.

ZAMBOLIM, L.; DO VALE, F. X. R.; COSTA, H. Doenças causadas por fungos em batata, In: ZAMBOLIM, L.; DO VALE, F.X.R.; COSTA, H. (eds.) **Controle de doenças de plantas-hortaliças**. Rio Branco: 2000. p. 173-208

ZEIDERS, K. E.; HILL, R. R. Measurement of resistance to fusarium wilt/rotund crown rot in birds foot trefoil. **Crop Science**, v. 2, p. 468-473, 1988.

ZANOTTA, S.; SALES, F. J. S.; TÖFOLI, J. G.; MIZUBUTI, E. S. G.; TERÇARIOL, I. M. L.; FERRARI, J. T.; DOMINGUES, R.; HARAKAVA, R. Requeima: Novos desafios. **Batata Show**, v. 46, p. 28-31, 2016.