

o reisolamento comprovaram a associação de *Colletotrichum* com os sintomas apresentados.

- 245 VARIACÃO PATOGENICA E MOLECULAR DE *Thanatephorus cucumeris* ASSOCIADO À SERINGUEIRA E OUTRAS ESPÉCIES NATIVAS DA AMAZÔNIA./ Pathogenic and molecular variation of *Thanatephorus cucumeris* associated to rubber tree and other native species in the Amazon. A.P.S. CAMPOS<sup>1</sup>; L. GASPAROTTO<sup>2</sup>, V.H. FIGUEIREDO-MORAES<sup>2</sup>; E. PINHEIRO<sup>2</sup>, L.S. POLTRONIERI<sup>2</sup>, A. SIVIERO<sup>2</sup>, M. ZALA<sup>3</sup>, P.C. CERESINI<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>UNESP-Câmpus de Ilha Solteira, CP 31, 15385-000, Ilha Solteira-SP, <sup>2</sup>Embrapa Amazônia Ocidental / Oriental / Acre, Manaus (AM), Belém (PA) e Rio Branco (AC), <sup>3</sup>Phytopathology Group, ETHZ, Zurique, Suíça. Financiamento FAPESP (04/02127-9) e Convênio ETHZ-UNESP.

O fungo *Thanatephorus cucumeris* [anamorfase = *Rhizoctonia solani*] ocasiona várias doenças foliares em culturas de importância agrícola na Amazônia. Entre estas doenças, a mancha areolada é considerada uma das mais importantes. Para este estudo, foram testadas duas hipóteses: os isolados de *T. cucumeris* oriundos de seringueira e outras espécies pertencem a grupamentos de anastomose distintos; isolados de *T. cucumeris* de hospedeiros distintos são patogênicos também à seringueira. Os isolados foram caracterizados citomorfologicamente e molecularmente através de sequenciamento da região ITS-5.8S do DNA ribossomal. O grupo mais frequente infectando seringueira foi

o AG 2-2 Hb, com nova nomenclatura proposta em função de diferenças filogenéticas com os membros do AG 2-2 IV (anteriormente usado para denominar o patógeno). Observou-se, também, que a seringueira hospeda um *pool* de grupos de anastomose de *R. solani* (como o AG1 ID e o AG4 HGI), que também ocorre em outras espécies vegetais da Amazônia. Isto implica em diversidade de fonte de inóculo para a sobrevivência e disseminação dos patógenos. De maneira inédita relata-se a ocorrência do grupo de anastomose AG-8 infectando citros no Acre, Brasil.

- 246 RESPOSTA DE DIFERENTES GÊNEROS DE RUTÁCEAS À LEPROSE DOS CITROS./ Response of various Rutaceae to citrus leprosis. A.L. FADEL<sup>1\*</sup>, V. RODRIGUES<sup>1</sup>, R. ANTONIOLI-LUIZON<sup>1</sup>, V.M. NOVELLI<sup>1</sup>, M. BASTIANEL<sup>1</sup>, M.A. MACHADO<sup>1</sup> & J. FREITAS-ASTÚA<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>CAPTACSM-IAC, CP4, 13490-970, Cordeirópolis/SP, <sup>2</sup>Embrapa Milho e Sorgo. \*Bolsista CNPq.

O vírus da leprose dos citros (CiLV), transmitido pelo ácaro *Brevipalpus phoenicis*, é o causador da principal virose da cultura no país. Os únicos hospedeiros naturais conhecidos do vírus são espécies do gênero *Citrus*. No entanto, existem relatos de transmissão experimental, tanto mecânica quanto via ácaro, para outras espécies vegetais. O objetivo deste trabalho foi determinar se rutáceas relacionadas a *Citrus* sp. podem ser hospedeiras do vírus e, eventualmente, servir como fonte de inóculo. Três plantas de 5 gêneros (*Glycosmis*, *Murraya*, *Fortunella*, *Severinia* e *Merope*) foram inoculadas com 50 ácaros virulíferos para CiLV, após terem suas folhas preparadas com uma

mistura de farinha de trigo, areia fina, gesso e água para favorecer o desenvolvimento do vetor. As avaliações visuais tiveram início aos 21 dias da inoculação. Após 4 meses, apenas as plantas de *G. pentaphylla* apresentaram sintomas na forma de lesões locais, porém estas eram escuras, sem a presença de halo, com bordas pouco definidas e bastante distintas daquelas normalmente associadas à doença. Amplificações por RT-PCR com *primers* específicos confirmaram a presença do CiLV nas amostras. Esse é o primeiro relato de uma rutácea não *Citrus* como hospedeira do CiLV.

- 247 ASSOCIAÇÃO DE *Ceratobasidium noxium* À QUEIMA-DO-FIO E REAÇÃO DO CAQUIZEIRO AO PATÓGENO./ *Ceratobasidium noxium* associated with the white-thread blight disease and reaction of kaki to the pathogen. E. COSTA-SOUZA<sup>1</sup>; M. A. BASSETO<sup>1</sup>; H. M. TAKADA<sup>2</sup>, M. ZALA<sup>3</sup>; P. C. CERESINI<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>UNESP – Campus de Ilha Solteira; <sup>2</sup>APTA Regional, Pindamonhangaba, <sup>3</sup>ETHZ, Zurique, Suíça. Financiamento FAPESP (04/01980-0) e convênio ETHZ-UNESP.

O fungo *Ceratobasidium* sp. ocasiona a queima-do-fio, doença típica de fruteiras na região Amazônica, e é relatado como patógeno de culturas importantes como caqui e chá em São Paulo. Os objetivos desta pesquisa foram: determinar a patogenicidade dos isolados de *Ceratobasidium* sp. do caqui; buscar informação sobre a especificidade patogênica dos isolados em relação a outros hospedeiros como cafeeiro, chá e citros; caracterizar a reação de variedades de caqui ao patógeno; determinar a filogenia de uma população de isolados de *Ceratobasidium* sp. de caqui; e comparação das relações filogenéticas com uma população brasileira de isolados de chá. Foram

analisadas seqüências da região ITS-5.8S do rDNA. Populações de *Ceratobasidium* do caqui e do chá tem posicionamento filogenético independente à outras espécies de *Ceratobasidium* no mundo. É apropriado o uso de *C. noxium* para denominar o patógeno do mal-do-fio em caqui e chá. Entretanto, *C. noxium* do caqui e do chá constituem-se em populações filogeneticamente independentes, as quais denominamos de Grupo *Diospyrus* e Grupo *Camellia*. Esses grupos, embora filogeneticamente independentes, são patógenos para ambas as culturas, além de infectarem café e citros. Não houve indícios de reação de resistência entre oito das principais variedades de caqui.

- 248 PROSPECÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA À LEPROSE EM DIFERENTES GENÓTIPOS DE CITROS./ Screening for