

## MIC-018

**Molecular and virulence patterns of isolates of *Pyricularia grisea* from wheat.** Cruz MFA<sup>1</sup>, Prestes AM<sup>1</sup>, Maciel, JLN<sup>2</sup>. Universidade de Passo Fundo-UPF<sup>1</sup>, Embrapa Trigo<sup>2</sup>, Passo Fundo, RS, Brasil. E-mail: fertunes@bol.com. Padrão molecular e de virulência de isolados de *Pyricularia grisea* do trigo.

The use of molecular tools and virulence evaluations of *Pyricularia grisea*, causal agent of rice and wheat blast, permitted to identify strains of the pathogen, especially those occurring in the rice crop. Microsatellites already demonstrated efficiency to classify *P. grisea* isolates by the genetic similarity groups. The objectives of this work were: to characterize the genetic diversity of 31 isolates of *P. grisea* collected from wheat applying 8 primers microsatellites; and to compare the molecular and virulence results of 18 isolates, when inoculated in seedlings of 70 wheat genotypes. The most informative primer was PG 05 with 5 alleles. The primers MGM21 and PG 12 permitted separate the Py 5020 and Py 5038 in distinct groups, with less than 50% similarity in relation to others. The genetic similarity varied from 14% (rice isolate) to 100%, but most of isolates presented more than 75% similarity among them. It was not possible to cluster the isolates according to geographic source. In the virulence analysis, fifteen among eighteen tested isolates showed more than 85% of similarity. The molecular pattern and virulence were similar for the isolates, except for Py 5002 isolate, which presented a distinct relationship with the others isolates, according to the criteria adapted by classification. Financial supported by CAPES and Embrapa Trigo.

## MIC-019

**Caracterização morfológica, molecular e patogênica de espécies de *Phytophthora* associadas a citros.** Oliveira JM, Costa SS, Lima CS, Santos J, Pfenning LH. Departamento de Fitopatologia, UFLA, Lavras, MG, Brasil. E-mail: ludwig@ufla.br. Morphological, molecular and pathogenic characterization of *Phytophthora* species on citrus

O objetivo desse estudo foi realizar a caracterização morfológica e patogênica de isolados de *Phytophthora* obtidos de citros e outros hospedeiros e avaliar a filogenia de *P. nicotianae* com base em seqüências da região ITS. Baseado na morfologia de esporângios, clamidósporos e oogônios 65 isolados de citros, fumo, acácia-negra e *Kalanchoe* sp. foram identificados como *P. nicotianae*, e cinco isolados de citros como *P. citrophthora*. Um isolado de *P. nicotianae* de cada hospedeiro, um de *P. citrophthora* do citros e um de *P. capsici* do pimentão, foram inoculados em mudas de tangerina Sunki e de fumo através de infestação do solo, e também em frutos de laranja Pêra. Todos os isolados de *P. nicotianae* foram patogênicos aos frutos e mudas de citros e fumo. *P. citrophthora* causou sintomas em frutos e mudas de tangerina apenas. *P. capsici* não foi patogênico ao citros e fumo. Esses resultados comprovam a inespecificidade da espécie *P. nicotianae*. A análise filogenética mostrou que os isolados de *P. nicotianae* de citros formam um clado junto com isolados de outros hospedeiros. Estas informações podem servir como base na elaboração de técnicas de PCR para a detecção rápida destes patógenos em citros no país. Apoio: CNPq.

## MIC-020

**Associação de virulência a *Peronosclerospora sorghi* em linhagens elites de sorgo.** Silva DD, Casela CR, Freitas ME, Maciel CT, Costa RV, Ferreira AS. Departamento de Fitopatologia, UFLA, Lavras, MG, Brasil. E-mail: ddionisia@yahoo.com.br. Virulence association to *Peronosclerospora sorghi* in elite lines of sorghum.

Quatro linhagens restauradoras (R) e cinco macho-estéreis (A) de sorgo, do programa de melhoramento genético da Embrapa-CNPMS, foram inoculadas com nove raças de *Peronosclerospora sorghi*. Folhas da cultivar suscetível SC283, infectadas com as raças, foram cortadas e dispostas com a parte abaxial para baixo sobre uma tela de nylon fixada em bandejas contendo 31 copos de 100mL, plantados com as linhagens em idade de seis dias. Completou-se o volume de água dentro das bandejas e estas foram cobertas com papel de germinação úmido e levadas para câmara com temperatura de 18 °C. Cada bandeja inoculada com uma raça foi considerada uma parcela e as linhagens, com 3 repetições, subparcelas. Após dez dias avaliou-se a resistência ou suscetibilidade por meio da presença ou não de esporulação. A associação de virulência foi calculada por meio dos Coeficientes de Associação de Patogenicidade (CAP) e de Virulência (CAV). Apenas as linhagens BR012R e 9900132R foram resistentes a 1 e 8 raças, respectivamente. Altos valores de CAP e CAV foram observados para todas as combinações, exceto entre 9910032R e as macho-estéreis indicando que estes cruzamentos podem gerar híbridos resistentes ao mildio. Apoio Financeiro: CNPq, FAPEMIG.

## MIC-021

**Filogenia molecular de *Alternaria solani* e análise do suporte de seqüências multilocos combinadas com RAPD pelo método de partição de Bremer.** Lourenço Jr. V<sup>1</sup>, Carbône-P<sup>2</sup>, Campos AMD<sup>1</sup>, Bragança CAD<sup>1</sup>, Maffia LA<sup>1</sup>, Mizubuti ESG<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Depto. de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa, MG, Brasil; <sup>2</sup>Center for Integrated Fungal Research, Dept. Plant Pathology, North Carolina State University, Raleigh, EUA. E-mail: valouren@bol.com.br. Molecular phylogeny of *Alternaria solani* and partitioned Bremer support analyses of multilocus sequence typing combined with RAPD.

A resolução de análises de filogenia molecular pode ser incrementada com a combinação de seqüências multilocos e marcadores moleculares fenotípicos. Nessa abordagem, reconstruiu-se a história evolutiva de isolados de *A. solani* obtidos de batateira e tomateiro a partir da combinação dos genes da proteína alergênica Alt a 1 (Alt a 1) e gliceraldeído 3-fosfato desidrogenase (gpd) com o marcador RAPD. O método de partição de Bremer (PB) foi utilizado para avaliar a congruência de cada atributo molecular na análise de máxima parcimônia (MP). Valores positivos ou negativos de PB refletem a quantia de suporte ou conflito, respectivamente, de atributos moleculares na formação de nós em árvores de MP. Detectou-se incongruência entre os atributos pelo método da diferença de comprimento (P=0,01). No entanto, obtiveram-se valores positivos de PB em um nó que agrupou linhagens AS na topologia construída a partir da concatenação de Alt a 1, gpd e RAPD. A combinação dos diferentes atributos aumentou a resolução da análise de MP. Apoio Financeiro: CAPES, CNPq, FAPEMIG.