

565

**Variabilidade genética e estrutura de população de isolados monospóricos de *Magnaporthe grisea* coletados no Centro-Norte do Brasil.** Ramos, LN<sup>1,2</sup>; Café-Filho, AC<sup>1</sup>; Lins, TCL<sup>2</sup>; Ohse, BJB<sup>2</sup>; Rangel, PHN<sup>3</sup>; Ferreira, ME<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Fitopatologia/UnB, Brasília DF, Brasil. <sup>2</sup>Embrapa Cenargen, <sup>3</sup>Embrapa Aroz e Feijão. leandronogr@yahoo.com.br. Genetic variability and population structure of *Magnaporthe grisea* monosporic isolates collected in Brazil's North-Center region.

A análise da diversidade genética de isolados de *Magnaporthe grisea* é um fator importante no melhoramento da cultura do arroz no Brasil, fornecendo informações acerca da diversidade genética existente em locais específicos. Este estudo teve por objetivo estimar a diversidade genética e a estrutura de população de isolados monospóricos coletados nos Estados de Tocantins, Goiás e Pará. Foram genotipados 140 isolados monospóricos de *M. grisea* obtidos nos municípios de Lagoa da Confusão, Dueré e Formoso do Araguaia (TO), São Miguel do Araguaia (GO) e Paragominas (PA) com um conjunto de 34 marcadores microssatélites distribuídos no genoma do fungo. Quatorze marcadores microssatélites mostraram-se altamente eficientes para estimar a diversidade genética e detectar a estrutura da população dos isolados. A média do número de alelos por loco foi 6,35, variando de 2 a 16 alelos. Observou-se sub-estruturação dos isolados em três sub-populações (K=3), coincidentes com a origem geográfica dos isolados. Os isolados do Pará formam um grupo independente, geneticamente distante dos isolados de Goiás e Tocantins. A alta diversidade genética e a evidência de estruturação sugerem a necessidade de monitoramento específico e emprego de estratégias adequadas pelos programas de melhoramento genético para as sub-populações detectadas.

567

**Resistência do maracujazeiro-doce à bacteriose em condições de campo e casa de vegetação.** Bellon, G<sup>1</sup>; Faleiro, FG<sup>1</sup>; Peixoto, JR<sup>2</sup>; Junqueira, NTV<sup>1</sup>; Junqueira, KP<sup>3</sup>; Santos, EC<sup>1</sup>; Fonseca, KG<sup>1</sup>; Braga, MF<sup>1</sup>; Santos, JB<sup>1</sup>; Souza, LS<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. <sup>2</sup>Universidade de Brasília/ Departamento de Agronomia, Brasília, DF. <sup>3</sup>Universidade de Brasília/ Departamento de Fitopatologia/ Brasília, DF. E-mail: bellon@cpac.embrapa.br. Bacteriosis resistance of sweet passion fruit under greenhouse and field conditions.

Com a exploração comercial do maracujazeiro-doce, várias doenças apareceram, dentre elas a bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*), considerada uma das principais doenças da parte aérea. Objetivou-se avaliar a resistência de 9 acessos de maracujazeiro-doce à bacteriose em campo e casa de vegetação. Cada acesso foi representado por uma família de meio-irmãos. Em campo, foi montado um experimento em blocos (4 repetições e 6 plantas por parcela). Foram avaliadas, aleatoriamente, cinco folhas por planta. Não se verificou efeito significativo da família de meio irmãos (FMI). Verificou-se alta fonte de variação dentro das parcelas em função da alta variabilidade genética entre as plantas da mesma família. Houve alta correlação negativa entre o número médio de lesões por folha e o diâmetro médio da lesão. Em condições controladas, utilizou-se delineamento inteiramente casualizado (12 repetições) e inoculação aos 50 dias após o plantio (10<sup>8</sup> Ufc/ml). Aos 10 dias após a inoculação foi verificado efeito altamente significativo das famílias para todas as características avaliadas. Houve alta fonte de variação dentro das famílias. Os acessos com maior nível de resistência foram J e D e com maior susceptibilidade foi N1, F e G.

566

**Resistência de linhagens de sorgo e seus híbridos a *Exserohilum turcicum*.** Pereira, IS<sup>1</sup>; Casela, CR<sup>2</sup>; Silva, DD<sup>3</sup>; Cota, LV<sup>2</sup>; Lanza, FE<sup>2</sup>; Toyota, M<sup>3</sup>; Abreu, MS<sup>3</sup>; Rodrigues, JAS<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Epamig Centro-Oeste CP295, CEP35701-970, Sete Lagoas, MG; <sup>2</sup>Embrapa Milho e Sorgo CP151, CEP35701-970, Sete Lagoas, MG; <sup>3</sup>DFP/Ufla CP 3037, CEP 37200-000, Lavras, MG. \*Doutorando Ufla. E-mail: casela@cpms.embrapa.br. Lineages and yours hybrids resistance of sorghum to *Exserohilum turcicum*.

Os híbridos de sorgo (BRS 304, BRS 308, BRS 310, BRS 305, BR 601, BRS 610, BRS 655, 9920045, 9920044 e 144015) e as linhagens progenitoras (BR 001, CMSXS 233, ATF 54, CMSXS 210, BR 007, CMSXS 222, ATF 14, ATF 08, BR 012, BR 501, CMSXS 656, CMSXS 657, CMSXS 180 e 991032) foram avaliadas em campo quanto a resistência ao *Exserohilum turcicum* em duas épocas de plantio (safra e safrinha). O plantio da safra ocorreu em outubro de 2008 e de safrinha em fevereiro de 2009, sendo estes em DBC com 9 repetições. Fizeram-se duas avaliações próximas ao florescimento, utilizando-se escala de nota de 1 a 5 (1 = ausência de doença e 5 = máxima intensidade da doença). Com o valor máximo de doença os materiais foram separados em classes de reação: 1-2 = resistente (R); 2,5-3 = moderadamente resistente (MR); 3,5-4 = moderadamente susceptível (MS) e 4,5-5 = susceptível (S). Na safra, foram R os híbridos BRS 308 e BRS 655 e a linhagem 9910032, enquanto na safrinha, foram R os híbridos BRS 308, 9920045 e 144015 e as linhagens CMSXS 222, CMSXS 656, CMSXS 180 e 991032. A linhagem BR 501 foi S na safra e MS na safrinha e a linhagem ATF 54 foi S na safrinha e MS na safra. Os demais materiais apresentaram reação MR ou MS conforme a época de plantio. Na safrinha houve uma menor intensidade da doença. Fonte financiadora: CNPq e FAPEMIG.

568

**Resistência de acessos de maracujazeiro-doce a virose do endurecimento dos frutos em condições de campo e casa de vegetação.** Bellon, G<sup>1</sup>; Peixoto, JR<sup>2</sup>; Faleiro, FG<sup>1</sup>; Junqueira, NTV<sup>1</sup>; Junqueira, KP<sup>3</sup>; Santos, EC<sup>1</sup>; Fonseca, KG<sup>1</sup>; Silva, MS<sup>1</sup>; Braga, MF<sup>1</sup>; Santos, JB<sup>1</sup>; Lima, CA<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. <sup>2</sup>Universidade de Brasília/ Departamento de Agronomia/Brasília, DF. <sup>3</sup>Universidade de Brasília/ Departamento de Fitopatologia/ Brasília, DF. bellon@cpac.embrapa.br. Resistance of sweet passion fruit accesses to the woodiness viruses under greenhouse and field conditions.

O endurecimento dos frutos pode ser causado por duas espécies de vírus (*Passionfruit woodiness virus*, PWV e *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, CABMV) e é considerada a principal virose da cultura do maracujazeiro-doce. Objetivou-se avaliar a resistência de 9 acessos de maracujazeiro-doce a esta virose em campo e casa de vegetação. Cada acesso foi representado por uma família de meio-irmãos. Em campo, foi montado um experimento em blocos com 4 repetições e 6 plantas por parcela e, em casa de vegetação, 20 repetições e inoculação mecânica. Para a avaliação, utilizou-se uma escala de notas para planta e para folha. A incidência variou de 41,7 a 91,7% em campo e 60 a 100% em casa de vegetação. Considerando-se a incidência, os acessos com maior resistência foram os silvestres N1 e N2. Entre os comerciais, o acesso com maior resistência foi o acesso F em campo e o A em casa de vegetação. Em campo, a incidência e a severidade da virose aumentaram ao longo do tempo, possivelmente devido a maior disseminação do vírus pelo vetor.