

07.077

Avaliação de genótipos de milho à *Puccinia polysora* no Acre. Siviero, A.1; Matter, U. F.2; Mendonça, A. M. S.2 - 1Embrapa Acre - Laboratório de Fitopatologia; 2Embrapa Acre - Sistemas integrados de Produção. E-mail: asiviero@cpafac.embrapa.br. Evaluation of corn genotypes to *Puccinia polysora* in Acre State.

O milho é uma das mais importantes culturas no Acre sendo utilizado por pequenos e médios agricultores na alimentação humana e animal. A ferrugem polissora ou ferrugem branca do milho, causada por *Puccinia polysora*, foi recentemente relatada no estado de Rondônia e constatada no Acre incidindo sobre plantas de milho em experimentos de competição de cultivares na safra 2009/2010. Os sintomas de ferrugem ocorrem em toda a planta reduzindo a área foliar e a fotossíntese. A doença ocorre notadamente nas folhas sendo caracterizada pelo surgimento de pústulas circulares a ovais, cor canela e com distribuição homogênea na face superior da folha. A doença é mais severa em locais onde reinam temperatura e umidade relativa do ar elevadas. Este trabalho teve como objetivo avaliar a resistência de diversos genótipos de milho à *Puccinia polysora* em condições de campo no Acre. A avaliação da doença foi realizada em fevereiro de 2010, três meses após o plantio. Foram avaliadas 20 plantas de cada um dos 32 genótipos de milho em experimento montado em delineamento inteiramente casualizado com duas repetições para cada genótipo. Na avaliação de campo foi realizada usando uma escala diagramática de notas de 1 = ausência de sintomas até a nota 9 = > 75% da área foliar infectada. A doença foi identificada em condições de laboratório através de microscopia de estruturas morfológicas do patógeno. Todos os genótipos se mostraram suscetíveis ao patógeno. Os genótipos 30A77, DX 603, SHX7111 e GNZ2500 apresentaram as menores média de severidade da doença atingindo valores de 6,38, 6,44, 6,50 e 6,81 respectivamente. Esta foi a primeira constatação da ferrugem polissora no Acre. **Apoio Financeiro:** CNPq

07.079

Avaliação de resistência ao *Tomato chlorotic mottle virus* (ToCMoV) em acessos de *Solanum* (secção *Lycopersicon*) inoculados via bombardeamento. Fontenele, R. S.1; Barros-Pinho, B. R.2; Almeida, L. M.1; Silva, T. A. L.1; Vieira, B. G.2; Pereira-Carvalho, R. C.3; Lacorte, C. C.4; Resende, R. O.5; Boiteux, L. S.6; Ribeiro, S. G.6 - 1Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - NTBio; 2Universidade de Brasília UNB - Fitopatologia; 3Universidade de Brasília - Departamento de Fitopatologia; 4Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Biotecnologia; 5Universidade de Brasília - Biologia Celular; 6Embrapa Hortaliças - Melhoramento Genético. E-mail: virologiabrano@hotmail.com. Resistance screening of *Solanum* (section *Lycopersicon*) accessions to *Tomato chlorotic mottle virus* (ToCMoV) inoculated via bombardment.

O cultivo do tomateiro tem sido afetado por espécies de *Begomovirus*. As espécies presentes no Brasil apresentam genoma bipartido e são transmitidas por *Bemisia tabaci*. Devido à baixa eficiência do controle químico do vetor, a melhor opção de controle das begomoviroses tem sido o uso de cultivares resistentes ao vírus e/ou a mosca-branca. O objetivo deste trabalho foi avaliar (via bombardeamento) a resposta de fontes promissoras de resistência a uma espécie de begomovírus bipartido (ToCMoV). Vinte acessos de espécies selvagens de *Solanum* (secção *Lycopersicon*), previamente identificados como resistentes a begomovírus bipartidos (inoculação natural por *B. tabaci*) e monopartidos (agroinoculados via *Agrobacterium tumefaciens*) foram inoculadas por bombardeamento com clone infeccioso (DNA-A e DNA-B) de ToCMoV. Foram feitas avaliações de sintomas e da intensidade da acumulação do DNA viral em amostras foliares por "Southern blot". Os acessos *S. peruvianum* 'CNPH 0101', 'CNPH 1452', 'CNPH 1469' e 'CNPH 1471' e *S. chilense* 'CNPH 0410' apresentaram respostas caracterizadas por sintomas ausentes e/ou suaves e pela ausência e/ou baixa acumulação de DNA viral. Testes estão sendo conduzidos para determinação dos genes envolvidos na resistência presente nestes acessos. **Apoio Financeiro:** CNPq e CAPES

07.078

Reação de cultivares de feijoeiro comum indicadas para a região central brasileira à patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* Abud, R. O. G.1; Wendland, A.2; Melo, L. C.3; Pereira, H. S.3; Costa, J. G. C. da3; Faria, L. C.3 - 1Embrapa Arroz e Feijão/universidade Federal de Goiás - Fitopatologia; 2Embrapa Arroz e Feijão - Fitopatologia; 3Embrapa Arroz e Feijão - Melhoramento genético. E-mail: rafaelabud69@hotmail.com. Reaction of Common bean cultivars indicated for the Brazilian central region to pathotypes of *Colletotrichum lindemuthianum*

A antracnose é uma doença causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Cl) e interfere significativamente no rendimento da cultura do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Devido à alta variabilidade genética do patógeno, o estudo sobre a reação dos patótipos em diferentes regiões se faz necessário. Com esse objetivo, foi determinada a reação de 23 cultivares a quatro isolados de Cl (Cl 1163, Cl 1143, Cl 1164, Cl 672) correspondendo aos patótipos 65, 73, 81 e 89, respectivamente. As cultivares foram plantadas em bandejas de isopor e mantidas em casa de vegetação. Ao sétimo dia após a semeadura, as plantas foram inoculadas com suspensão de conídios (1,2 x 10⁶). A avaliação foi realizada oito dias após a inoculação usando uma escala de notas variando de 1 a 9. Os resultados demonstraram que as cultivares BRS Esplendor, BRS Marfim, BRS Embaixador e BRSMG Realce foram resistentes aos quatro patótipos inoculados, apresentando notas inferiores a três, enquanto Pérola, BRS Campeiro, Diamante Negro e BRS Executivo apresentaram alta suscetibilidade aos quatro patótipos, com notas maiores que oito. O estudo mostra que para a região central brasileira, as cultivares BRS Esplendor, BRS Marfim, BRS Embaixador e BRSMG Realce são as mais recomendáveis para evitar essa doença no cultivo do feijão. **Apoio Financeiro:** Embrapa

07.080

Avaliação de resistência ao *Tomato chlorotic mottle virus* (ToCMoV) em acessos de *Solanum* (secção *Lycopersicon*) inoculados via bombardeamento. Fontenele, R. S.1; Barros-Pinho, B. R.2; Almeida, L. M.1; Silva, T. A. L.3; Vieira, B. G.4; Pereira-Carvalho, R. C.5; Lacorte, C. C.6; Resende, R. O.7; Boiteux, L. S.8; Ribeiro, S. G.9 - 1EMBRAPA CERNAGEM - PBI; 2Universidade de Brasília (UNB) - Fitopatologia; 3Embrapa Cenargen - Biotecnologia; 4Univerdade de Brasília - Fitopatologia; 5Universidade de Brasília - Departamento de Fitopatologia; 6Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Biotecnologia; 7Universidade de Brasília - Biologia Celular; 8Embrapa CNPH - Melhoramento Genético; 9Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Ntbio. E-mail: virologiabrano@hotmail.com. Resistance screening of *Solanum* (section *Lycopersicon*) accessions to *Tomato chlorotic mottle virus* (ToCMoV) inoculated via bombardment.

O cultivo do tomateiro tem sido afetado por espécies de *Begomovirus*. As espécies presentes no Brasil apresentam genoma bipartido e são transmitidas por *Bemisia tabaci*. Devido à baixa eficiência do controle químico do vetor, a melhor opção de controle das begomoviroses tem sido o uso de cultivares resistentes ao vírus e/ou a mosca-branca. O objetivo deste trabalho foi avaliar (via bombardeamento) a resposta de fontes promissoras de resistência a uma espécie de begomovírus bipartido (ToCMoV). Vinte acessos de espécies selvagens de *Solanum* (secção *Lycopersicon*), previamente identificados como resistentes a begomovírus bipartidos (inoculação natural por *B. tabaci*) e monopartidos (agroinoculados via *Agrobacterium tumefaciens*) foram inoculadas por bombardeamento com clone infeccioso (DNA-A e DNA-B) de ToCMoV. Foram feitas avaliações de sintomas e da intensidade da acumulação do DNA viral em amostras foliares por "Southern blot". Os acessos *S. peruvianum* 'CNPH 0101', 'CNPH 1452', 'CNPH 1469' e 'CNPH 1471' e *S. chilense* 'CNPH 0410' apresentaram respostas caracterizadas por sintomas ausentes e/ou suaves e pela ausência e/ou baixa acumulação de DNA viral. Testes estão sendo conduzidos para determinação dos genes envolvidos na resistência presente nestes acessos. **Apoio Financeiro:** CNPq e CAPES