

1007

**Reaction of wild *Passiflora* genotypes to *Colletotrichum gloeosporioides* infection.** Velame, K.V.C.<sup>1</sup>, Laranjeira, F.F.<sup>2</sup>, Castellen, M.<sup>2</sup> <sup>1</sup>CNPq, Bolsista DCR <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura CP 7, 44380-000, Cruz das Almas, BA, e-mail: chico@cnpmf.embrapa.br. *Reação de genótipos selvagens de *Passiflora* a *Colletotrichum gloeosporioides*.*

*Colletotrichum gloeosporioides* causes leaf and fruit symptoms in passionfruit (*Passiflora* sp.) and even heavy leaf drop when infection is severe. Screening of possible resistant varieties or species has been done in greenhouse environment but sometimes - specially when dealing with wild species - the number of available test plants is not enough. In order to overcome this constraint, a series of twice repeated experiments was carried out using a detached leaf approach. Three leaves of each of 15 species were punctured and each hole was inoculated with 20µl of a spores suspension (10<sup>7</sup> spores/mL); a blank treatment where water was used instead of spore suspension was provided for each species. Each leaf was kept in individual plastic sealed Gerboxes and incubated in growth chamber at 27°C for 4 days. Presence of symptoms and their relative intensity compared to yellow passionfruit reaction were assessed. *P. rubra*, *P. morifolia* and *P. pelosacrona* had very mild symptoms, while *P. palmeri*, *P. mucronata*, *P. galbana*, *P. gibertii*, *P. micropetala*, *P. gardneri* and *P. foetida* had similar or more intense symptoms than yellow passionfruit control. This is the first time that most of those species are tested to *C. gloeosporioides* infection.

1008

**Patogenicidade de *Curvularia* sp. em *Heliconia psittacorum* cv. Golden Torch.** França, F. dos S.<sup>1</sup>, Guimarães, L.<sup>1</sup>, Pontes, M. F. C.<sup>1</sup>, Peixoto, A. R.<sup>1</sup>, Souza, J. C.<sup>1</sup>, Santos, M. H. L. C.<sup>1</sup>, & da Paz, C. D.<sup>1</sup> <sup>1</sup>DTCS, UNEB/Campus III, 48.900-000, Juazeiro-BA. E-mail: nina.francis@ig.com.br. *Pathogenicity of *Curvularia* sp. on *Heliconia psittacorum* cv. Golden Torch.*

Em inspeções realizadas em helicônias cv. Golden Torch mantidas no campo experimental da UNEB, município de Juazeiro-BA, foram detectadas manchas foliares necróticas de formato irregular associadas ao fungo *Curvularia* sp. Visando reproduzir os sintomas em casa-de-vegetação e comprovar os testes de patogenicidade, foram utilizados três métodos de inoculação: 1. plantas intactas pulverizadas com suspensão do inóculo; 2. plantas com leves ferimentos pulverizadas com suspensão do inóculo; 3. deposição de discos de BDA com micélio do fungo sobre o limbo foliar com ferimentos. A planta testemunha foi inoculada com água esterilizada. A concentração de conídios de *Curvularia* sp. foi de 3 x 10<sup>5</sup> esporos.ml<sup>-1</sup>, aplicados nas folhas de helicônias com três meses de idade. Foram inoculadas três plantas da cv. Golden Torch, para cada método utilizado. Os resultados obtidos demonstraram que os três métodos foram eficazes na reprodução dos sintomas com variações no tamanho e número de lesões. As plantas pulverizadas na superfície intacta reproduziram lesões maiores (2-4 cm) com menor número de lesões, enquanto que plantas com ferimentos nos dois métodos empregados exibiram pequenas lesões (<1 cm) com maior número de lesões no limbo foliar. O reisolamento obtido das plantas inoculadas apresentou as mesmas características das culturas originais, no qual confirmaram a presença do fungo *Curvularia* sp.

1009

**Resistance of genetically modified potatoes to *Potato virus Y* (PVY) under field conditions.** A. N. DUSI, P. E. de MELO, C. L. OLIVEIRA & A. C. TORRES. Embrapa Hortaliças, CP 218, Brasília, DF, Brazil, 70359-970. *Resistência de batata geneticamente modificada ao *Potato virus Y* (PVY) em condições de campo.*

Since 1996, two potato clones of cultivar Achat, named 1P and 63P, transformed with the PVY coat protein gene are being submitted to risk assessment analysis. Plants of both clones were released into the environment in Brasília, DF, in 1999 and 2000, and the assay was repeated in 2004 and 2005. The assay was conducted in a completely randomized design with three treatments (1P, 63P and the non-transformed parental) and 20 replications of five plants. The plots were flanked with PVY infected plants of cultivar Achat to ensure the presence of inoculum in the experimental area. A green water pan trap was placed in the middle of the experiment to monitor the presence of alatae aphids during the experimental periods. The aim of the experiment was to evaluate the resistance of the transgenic clones to PVY under field conditions and natural spread of the virus by its vectors. The plants released in 1999, 2000 and 2004 originated from virus-free tubers. The plants released in 2005 originated from the tubers harvested in the previous year, one tuber per plant, aiming to determine the stability of the resistance in a longer term. At the end of the crop cycle the plants were individually harvested. After natural dormancy breaking, one tuber from each plant was placed in a pot and individually tested for PVY by DAS-ELISA. None of the tubers of the genetically modified clones were infected with PVY, while the tubers of the non-transformed parental had infection rates up to 100%.

1010

**Sequenciamento do gene da capa protéica de SCMV causando sintomas de mosaico em milho, sorgo e cana de açúcar no Brasil.** Souza, IRP<sup>(1)</sup>, Lenardon, S<sup>(2)</sup>; Giolitti, FJ<sup>(2)</sup>; Oliveira, E<sup>(1)</sup>, Carneiro, NP<sup>(1)</sup>, Gomes, EA<sup>(1)</sup> <sup>1</sup>Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brazil; [Isabel@cnpms.embrapa.br](mailto:Isabel@cnpms.embrapa.br); <sup>2</sup>IFFIVE-INTA, Córdoba, Argentina. *Sequencing of the SCMV coat protein gene causing mosaic symptoms in maize, sorghum and sugarcane in Brazil*

A incidência de mosaico em milho no Brasil tem apresentado aumento com expressão econômica na produção de grãos. Folhas com sintomas de mosaico foram coletadas de milho, de sorgo e de cana de açúcar em diferentes regiões produtoras e os RNAs extraídos destas foram submetidos a reações de RT-PCR empregando-se primers específicos para os potyvirus do complexo do mosaico: MDMV, JGMV, SrMV e SCMV. Apenas nas reações com os primers específicos para SCMV foi amplificado um fragmento de 1072 pb, compreendendo a sequência de nucleotídeos de pequena parte da proteína NIb, toda a proteína da capa protéica e parte da região 3'UTR do genoma do vírus. Comparação de seqüências deste fragmento apresentaram 93% de homologia em nível de nucleotídeos com SCMV. Os isolados foram submetidos ao teste de DAS-ELISA empregando-se anticorpos policlonais para os quatro potyvirus do complexo, entretanto, foram positivos apenas para SCMV-MDB. Os resultados indicaram que os isolados são membros da espécie SCMV, e que esse pode ser considerado o mais comum e mais importante potyvirus infectando milho no Brasil.

Suporte Financeiro parcial: CNPq/Prosul, Fapemig.

1011

**Severidade da mela (*Rhizoctonia solani*) em genótipos de feijão-caupi em Roraima.** Nechet, K.L.<sup>1</sup>; Halfeld-Vieira, B.A.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Embrapa Roraima, C.P. 133, 69301-970, Boa Vista, RR; e-mail [katia@cpafrr.embrapa.br](mailto:katia@cpafrr.embrapa.br). *Web blight (*Rhizoctonia solani*) severity on cowpea genotypes in Roraima, Brazil.*

A mela, causada pelo fungo *Rhizoctonia solani* (teleomorfo *Thanatephorus cucumeris*), é um dos principais problemas fitossanitários que incidem no feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) em Roraima. A severidade da doença foi avaliada em 10 genótipos de feijão-caupi em casa-de-vegetação (CV) e no campo. Os genótipos