



CONFIRMAÇÃO DE RESISTÊNCIA DE LINHAGENS DE MILHO-PIPOCA OBSERVADAS EM ENSAIOS DE CAMPO, POR MEIO DE INOCULAÇÃO DO ISOLADO CF/UENF501 (*Bipolaris maydis*) EM CASA DE VEGETAÇÃO

Luana Coimbra Pereira, Ana Lúcia Rangel de Souza, Ana Beatriz Nascimento de Oliveira, Marcelo Serafim de Andrade Junior, Nayana de Oliveira Machado, Julio Cesar Gradice Saluci, Rafael Nunes Almeida, Marcelo Vivas, Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves

Uma das principais doenças foliares que afetam a cultura do milho é a Helminthosporiose causando grandes perdas econômicas. Por isso, este trabalho tem o objetivo de identificar genótipos de milho-pipoca resistentes a essa doença. Foi realizado um ensaio em casa de vegetação delineado em blocos casualizados (DBC) com 4 repetições. Foram selecionadas, aproximadamente, 45 linhagens com melhores níveis de resistência quanto a reação ao *Bipolaris maydis* e 5 linhagens com os menores níveis de resistência para o patógeno. Para a inoculação nas plantas, foi preparada uma suspensão de conídios a partir do isolado CF/UENF 501 preservado na Clínica Fitossanitária da UENF. Foi realizada a repicagem de pequenas porções da colônia para placas de Petri contendo o meio de BDA, onde foram mantidos durante 15 dias sob fotoperíodo de 12 h, a 25 ± 2 °C, a fim de estimular o crescimento e a esporulação do fungo. Um hemacitômetro foi utilizado para ajustar a concentração em $1,0 \times 10^4$ conídios/ML. As plantas foram inoculadas em estádio V4 até o ponto de escorrimento foliar. As avaliações foram feitas cinco dias após a inoculação e a cada sete dias, totalizando três avaliações ao longo do tempo. Avaliou-se a incidência e severidade de *B. maydis*, com base em escalas diagramáticas e calculou-se a partir daí a Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD). Observou-se efeito significativo ($p < 0.05$) para a variabilidade genética entre as linhagens avaliadas. As linhagens L593, L653 e L651 selecionadas previamente via experimento de campo como suscetíveis ficaram entre os grupos de maior média de severidade, 179,6 (a), 88,0 (b) e 59,7 (c) respectivamente, confirmando a suscetibilidade encontrada a campo. Já a resistência das linhagens L512 (108,1 b), L507 (67,9 c) e L55 (65,50 c), encontradas a campo divergiu do ensaio feito em casa de vegetação, o que indica uma possível baixa presença de inóculo durante a avaliação a campo. As linhagens L76 e L69, previamente caracterizadas como resistentes, se mantiveram no grupo que receberam as menores médias de AACPD, 9,93750(e) e 4,38750(e) respectivamente. Os ensaios realizados a campo e em casa de vegetação tiveram algumas divergências de resultados. As linhagens L76 e L69 foram consideradas resistentes e com potencial para gerar futuros híbridos promissores, pois possuem origens distintas e tem um alto grau de endogamia. Como essa doença co-evoluiu com o hospedeiro, a busca por genótipos resistentes sempre será necessária, para que se tenha uma produção mais sustentável.

Palavras-Chave: Melhoramento genético vegetal; Helminthosporiose; *Zea mays*.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: Universidade Estadual do Norte Fluminense
Fomento da bolsa (quando aplicável): UENF

