

## AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA À REQUEIMA EM FAMÍLIAS SEGREGANTES DE BATATA

DIONATAN LEONARDO LAMARQUE LUGOCH<sup>1</sup>; ADRIANO UDICH BESTER<sup>1</sup>;  
HELENA NOVACK OXLEY<sup>1</sup>; VANESSA HÜBNER<sup>1</sup>; CESAR BAUER GOMES<sup>2</sup>;  
CAROLINE MARQUES CASTRO<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pelotas – [dionatanlugoch201039@gmail.com](mailto:dionatanlugoch201039@gmail.com),  
[adriano.udich.bester@gmail.com](mailto:adriano.udich.bester@gmail.com), [hoxley@gmail.com](mailto:hoxley@gmail.com), [vufpel@gmail.com](mailto:vufpel@gmail.com)

<sup>2</sup>Embrapa Clima Temperado – [cesar.gomes@embrapa.br](mailto:cesar.gomes@embrapa.br), [caroline.castro@embrapa.br](mailto:caroline.castro@embrapa.br)

### 1. INTRODUÇÃO

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é originária da Cordilheira dos Andes, sua domesticação ocorreu há cerca de 8 a 10 mil anos, quando apresentava tuberação sob condições de dias curtos. Com o processo de dispersão e seleção, a espécie foi adaptada também há dias longos, característica que possibilitou sua aclimação às condições europeias (HARDIGAN, et al. 2017). Posteriormente, foi introduzida no Brasil pelos colonizadores espanhóis, consolidando-se como uma das hortaliças mais cultivadas e consumidas no país (Silva, et al. 2016).

No Brasil, em 2023, a área cultivada com batata foi de aproximadamente 123,4 mil hectares, resultando em uma produção de 4,1 milhões de toneladas e produtividade média de 33,9 t/ha. Entre os estados produtores, o Rio Grande do Sul se destaca, com 16,9 mil hectares de cultivo e produção estimada em 468 mil toneladas, ocupando a quarta posição nacional, atrás apenas de Minas Gerais, Paraná e São Paulo (IBGE, 2023).

Diversos fatores influenciam a produtividade da batata, entre eles o manejo de doenças, que constitui um dos principais desafios para a cultura. Entre as enfermidades, destaca-se a requeima (*Phytophthora infestans*), um oomiceto considerado a mais destrutiva doença da batata, devido à sua elevada agressividade e rápida disseminação. O patógeno ataca folhas, caules e tubérculos, causando lesões necróticas que comprometem a fotossíntese, reduzem drasticamente a produção e afetam também a qualidade dos tubérculos armazenados (TÖFOLI et al., 2016).

Historicamente, a requeima ganhou notoriedade por ter sido a responsável pela Grande Fome da Irlanda, entre 1845 e 1849, quando a doença dizimou lavouras inteiras, resultando na morte de milhares de pessoas e forçando a migração em massa. Atualmente, continua sendo uma das principais doenças, podendo causar perdas de até 100% da produção em áreas não manejadas adequadamente (MAJEED; SIYAR; SAMI, 2022).

Para evitar a doença, geralmente são realizadas aplicações preventivas de defensivos agrícolas registrados para essa finalidade. No entanto, os custos dessas aplicações são elevados. Por esse motivo, os programas de melhoramento genético buscam selecionar clones com resistência à requeima, reduzindo a necessidade de aplicações químicas ao longo do ciclo da cultura e, consequentemente, os custos de produção.

Portanto, este trabalho tem como objetivo avaliar famílias segregantes do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa quanto à resistência à requeima.

## 2. METODOLOGIA

Foram avaliadas seis famílias clonais, denominadas M, O, P, Q, R e S, com tamanhos populacionais variando de 31 a 48 indivíduos por família. O experimento incluiu duas testemunhas suscetíveis e uma resistente à doença (Tabela 1). As amostras de folhas foram coletadas de plantas cultivadas em casa de vegetação da Embrapa Clima Temperado, no período de outono de 2025. Para o estudo, foi utilizado um isolado de *Phytophthora infestans* proveniente da coleção de microrganismos fitopatogênicos de interesse agrônômico da instituição.

As folhas coletadas foram levadas para o Laboratório de Fitopatologia da mesma instituição, onde foi realizado o processo de limpeza e corte em discos foliares de 10 mm de diâmetro, utilizando um vazador. Em seguida, foram distribuídas quatro placas de Petri com papel umedecido com água destilada para cada indivíduo coletado e, sobre cada placa, foram colocados cinco discos foliares, com a face abaxial voltada para cima. Sobre cada disco foi inoculada uma solução de 15 µL contendo  $10^5$  esporângios de *P. infestans* por mililitro. As placas de Petri foram lacradas e incubadas em BOD a 17 °C, permanecendo nesse ambiente até que a testemunha Asterix apresentasse 100% da área foliar infectada pelo patógeno.

A avaliação da infecção foi realizada por meio de notas de 0 a 5, conforme a seguinte escala: 0 = ausência de sintomas; 1 = presença de necrose foliar; 2 = até 5% da superfície do disco afetada; 3 = 5% a 20%; 4 = 20% a 50%; 5 = mais de 50% da superfície do disco coberta pelo oomiceto.

Tabela 1. Identificação dos genitores envolvidos nos cruzamentos para a formação das famílias clonais avaliadas

Genitores	Família	Cruzamento	Número de indivíduos
G1 - Yagana	M	(G4 x G2)	43
G2 - C1883-22-97	O	(G1 x G2)	31
G3 - Granola	P	(G4 x G5)	48
G4 - C1750.15.95	Q	(G4 x G3)	46
G5 - Desiree	R	(G1 x G3)	44
	S	(G5 x G3)	47
Asterix – Testemunha suscetível		CIP 392-617-54 – Testemunha resistente	
Atlantic – Testemunha suscetível			

Os dados foram submetidos ao teste de normalidade dos resíduos e à análise de variância (ANOVA). Quando o teste F foi significativo, as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade 0,05. As análises foram feitas utilizando o software R (pacote ExpDes.pt e factoextra).

## 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O teste de comparação de medias Tabela 2 mostra a similaridade entre diferentes cultivares/famílias de batata em relação à tolerância à requeima figura 1, mostrou a separação das famílias e progênies em três grupos principais.

Tabela 2. Severidade *in vitro* de *Phytophthora infestans* em folhas destacadas de genótipos de batata.

Cultivar / família	Severidade	Classificação*
Asterix	4,95 a	AS
Atlantic	4,88 a	AS
Família O	4,69 a	AS
Yagana	3,85 b	S
Família R	2,76 c	MS
C1883-22-97	2,72 c	MS
Família M	1,93 d	MS
Família Q	1,86 d	MS
Família S	1,16 e	MR
Família P	0,83 ef	MR
Granola	0,77 ef	MR
C1750-15-95	0,62 efg	R
CIP 392-617-54	0,28 fg	R
Desiree	0 g	AR
Coeficiente de variação:		11,11%

\* altamente resistente (AR), resistente (R), moderadamente resistente (MR), moderadamente suscetível (MS), suscetível (S) e altamente suscetível (AS).

O primeiro grupo composto pela família O, pelas testemunhas Asterix e Atlantic e pelo genitor Yagana, não demonstraram resistência à doença, sendo classificados como altamente suscetíveis e suscetíveis. Isso indica que esses genótipos ainda apresentam alta vulnerabilidade à infecção pela doença.

Por outro lado, o grupo composto pelas famílias R, M, Q e pelo genitor C1883-22-97, foram classificados como moderadamente suscetíveis. Essa resposta intermediária sugere a presença de alguma tolerância parcial, possivelmente devido a fatores genéticos herdados dos progenitores. Genótipos com resistência moderada podem ser úteis em programas de melhoramento, especialmente se combinados com outras características agrônomicas desejáveis, pois permitem reduzir parcialmente a aplicação de fungicidas.

Por fim, o grupo formado pelas famílias S e P, no qual também está presente o genitor Granola foram considerados moderadamente resistente. O genitor C1750-15-95 e a testemunha CIP 392-617-54 foram considerados resistentes e o genitor Desiree foi considerado altamente resistente. A presença de resistência nesses genótipos demonstra que a herança da resistência à *P. infestans* pode ser efetiva em determinadas combinações genéticas e confirma que esses materiais podem ser estratégicos para programas de cruzamento, visando desenvolver cultivares com alta resistência e menor dependência de defensivos químicos.

A resistência genética constitui um dos principais fatores para o controle de doenças, permitindo reduzir o uso de agrotóxicos e os custos de produção (WOLTER, 2018). Nesse contexto, torna-se essencial que programas de melhoramento genético avaliem sistematicamente a resistência à *P. infestans* em novas famílias de cruzamentos, incorporando essa característica às demais exigências do mercado. Além disso, os resultados observados destacam a importância de identificar genótipos com diferentes níveis de resistência,

permitindo, a partir dessas informações, direcionar estratégias de manejo integrado da doença, aumentando a sustentabilidade da produção de batata.

#### 4. CONCLUSÕES

Os resultados mostram que a resistência genética à *P. infestans* varia entre famílias, com a família O suscetível, R, M e Q moderadamente suscetíveis, e S e P moderadamente resistentes, destacando-se como promissoras para avançar nas etapas subsequentes do programa de melhoramento visando o desenvolvimento de cultivares de batata para um sistema de cultivo sustentável.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

IBGE. **Produção de batata no Brasil**. 2023. Acessado em 28 ago. 2025. Online. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/batata/br>

MAJEED, A.; SIYAR, S.; SAMI, S.. Late blight of potato: from the great irish potato famine to the genomic era - an overview. **Hellenic Plant Protection Journal**, [S.L.], v. 15, n. 1, p. 1-9. 2022.

TÖFOLI, J. G. et al. Controle da requeima e pinta preta da batata por fungicidas e seu reflexo sobre a produtividade e a qualidade de tubérculos. **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 83, p. 1-12, 2016.

WOLTER, D. D.; PEREIRA, A. D. S. **Avaliação de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) quanto à resistência a *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary**. 2018. Dissertação (Mestrado em Fitomelhoramento). Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas.

SILVA, P. N. de L.; JUNIOR, R. F.; SANTOS, E. F. dos. Conhecimento do consumidor e forma de apresentação da batata no mercado no Estado de São Paulo. **Revista iPecege** 2016, v.2(2), p.46–55.

HARDIGAN, M. A.; LAIMBEER, P. F. M.; NEWTON, L. et al. Genome diversity of tuber-bearing *Solanum* uncovers complex evolutionary history and targets of domestication in the cultivated potato. **Proceedings of the National Academy of Sciences** 2017, v. 114(46).