

REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE ALGODÃO A *Helicotylenchus dihystera*. Host reaction of cotton genotypes to *Helicotylenchus dihystera*. SILVA, S.A.^{1,2}; CUNHA, L.S.²; MACHADO, A.C.Z.¹. ¹Instituto Agronômico do Paraná. Rodovia Celso Garcia Cid, km 375, Três Marcos, CEP 86.047-902, Londrina, Paraná, Brasil. ²Departamento de Estatística, Universidade Estadual de Londrina, Rodovia Celso Garcia Cid, PR 445 Km 380, Campus Universitário CEP 86.057-970, Londrina, Paraná, Brasil. E-mail: santino@iapar.br

O Brasil é um dos grandes produtores mundiais de algodão, sendo os nematoides um importante fator para a redução da produtividade. Nos últimos anos, *Helicotylenchus dihystera* vem chamando a atenção devido ao aumento da ocorrência e aos altos níveis populacionais encontrados, sendo um alerta à emergência desse como um novo patógeno para a cultura. Para caracterizar a reação de genótipos de algodão a *H. dihystera*, foi conduzido um experimento em casa de vegetação, utilizando-se solo de textura arenosa (81% areia, 14% argila e 5% silte), esterilizado em estufa de ar circulado, sob temperatura de 120 °C, por 5 horas. Foram utilizados vasos de isopor de 946 ml, com 900 ml de solo, sendo acrescido no momento da semeadura 3 g de Osmocote Plus[®]. Foi semeada uma semente por vaso, dos genótipos: FM 975 WS, FM 983 GLT, FM 954 GLT, FM 944 GL, DP 1536 B2RF, TMG 81 WS, BRS 432 B2RF, IMA 7501 WS, IMA 8405 GLT e IMA 2106 GL. Vinte dias após a semeadura, foi inoculada suspensão de 1 ml por planta contendo aproximadamente 200 espécimes do nematoide. Cada vaso foi considerado uma parcela e o delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado. Foram avaliadas a população do nematoide no solo, para cada parcela, por meio da metodologia de flotação, decantação, peneiramento e posterior funil de Baermann, além da população de nematoides nas raízes, pela metodologia de Boneti e Ferraz, sendo que, da soma de ambas, foi obtida a população final. Os dados foram submetidos à ANOVA e posterior comparação de médias usando o teste de Scott-Knott a 5% de significância. Todos os genótipos foram classificados como suscetíveis, com destaque para “FM 975 WS”, que permitiu que o patógeno se multiplicasse mais de 15 vezes. Diante dos resultados obtidos, concluímos que *H. dihystera* é um potencial patógeno para a cultura do algodão e às culturas subsequentes ao seu cultivo.

Palavras-chave: Nematoide espiralado; Relação planta-patógeno; Reação de hospedeiro.