

Identificação e diagnose molecular de fitoplasmas associados ao couro-de-sapo da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)

Taylane da Silva Araújo¹; Emanuel Felipe Medeiros Abreu²; Saulo Alves Santos de Oliveira³; Eder Jorge de Oliveira³

¹Estudante de Bacharelado em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Analista da Embrapa Mandioca e Fruticultura; ³Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: araujotaylane@gmail.com; emanuel.abreu@embrapa.br, saulo.oliveira@embrapa.br, eder.oliveira@embrapa.br

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) possui grande importância econômica mundial, principalmente em países em desenvolvimento, é uma das maiores fonte de carboidratos e é cultivada em todo território brasileiro. O país ocupa o segundo lugar no *ranking* mundial, em termos de produção, estando atrás apenas da Nigéria. Entretanto, a presença de patógenos na cultura pode influenciar drasticamente na produção e, conseqüentemente, na sustentabilidade da cultura. A doença conhecida como couro-de-sapo foi constatada pela primeira vez em 1971, na Colômbia. No Brasil, foi registrada atacando a cultura de mandioca nos Estados do Amazonas e Bahia. Sob condições favoráveis, a redução do rendimento de raízes e do teor de amido pode chegar a 80% e 50%, respectivamente. O desenvolvimento de estratégias de detecção precoce da doença pode contribuir para identificação de plantas doentes a ainda ajudar no processo de indexação. O objetivo deste trabalho foi correlacionar os sintomas característicos de couro-de-sapo com a presença de fitoplasmas e identificar os fitoplasmas associados às doenças da mandioca, quanto ao grupo e subgrupo. Foram sequenciadas amostras sintomáticas de acessos de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura e, então, realizada uma análise filogenética da região do gene 16S rDNA, utilizando o programa Mega 5.1, com o método Neighbor-Joining e 10000 bootstrap. A árvore filogenética do grupo 16SrIII foi gerada comparando as sequências dos isolados brasileiros com isolados de fitoplasma representantes de cada subgrupo previamente descrito na literatura (A, B, C, D, E, F, G, H, J, K, L, P, Q, T, U e L04682). As amostras sequenciadas apresentaram identidade de 99%, com o subgrupo 16SrIII-L CFSD fitoplasma (EU346761 e AY737647), conhecido por infectar variedades de mandioca na Colômbia.

Palavras-chave: Couro-de-sapo; fitoplasma; PCR; mandioca.
