

Identificação de espécies de *Fusarium* associadas a murcha do maracujazeiro no Estado da Bahia por meio de análise de sequências de DNA

Marcela Passos Cavalcanti¹; Fernando Haddad²; Saulo Alves Santos de Oliveira²; Cristiane de Jesus Barbosa²; Luciana Veiga Barbosa³

¹Mestranda do Programa de Pós-Graduação de Genética e Biodiversidade da UFBA; ²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura; ³Universidade Federal da Bahia. E-mails: marcelapcavalcanti@hotmail.com, fernando.haddad@embrapa.br, saulo.oliveira@embrapa.br, cristiane.barbosa@embrapa.br, veiga@ufba.br

A Bahia é o maior produtor de maracujá do Brasil, entretanto os cultivos no Estado possuem baixo rendimento. As doenças são os fatores mais limitantes à produção, das quais destaca-se a fusariose, também conhecida como murcha ou morte prematura do maracujazeiro. A fusariose é causada por fungos de solo das espécies *Fusarium oxysporum* f. sp. *passiflorae* e/ou *Fusarium solani*, que colonizam o córtex da planta, causando murcha, colapso e morte. As medidas para o controle da fusariose são preventivas e não têm sido eficientes, sendo o desenvolvimento de variedades resistentes à alternativa mais promissora. Para tanto, é necessário conhecer a diversidade do agente causal da fusariose. O objetivo deste trabalho foi identificar a prevalência das espécies de *Fusarium* associadas à murcha do maracujazeiro na Bahia. Para tanto, foram avaliados 56 isolados monospóricos de *Fusarium* spp. da coleção do Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Mandioca e Fruticultura obtidos das principais regiões produtoras de maracujá do Estado da Bahia, nos municípios de: Paramirim, Livramento de Nossa Senhora, Dom Basílio, Cruz das Almas, Santo Antônio de Jesus, Ituaçu, Jaguaquara, Brejões e Valença. Também foram avaliados 14 isolados obtidos em pomares nos Estado de Minas Gerais e Mato Grosso, para comparação. O trabalho foi desenvolvido no Laboratório de Biologia Molecular da Central de Laboratórios da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (CLA-EBDA). A extração de DNA foi realizada a partir dos micélios de cada isolado, o material foi diluído e amplificado utilizando os iniciadores do gene do fator de alongação 1 α (*TEF-1 α*), EF-1 (5'- ATGGGTAAGGA(A/G)GACAAGAC- 3') e EF-2 (5'- GGA(G/A)GTACCAAGT(G/C)ATCATGTT -3'). A condição de amplificação incluiu um ciclo de desnaturação de 2 min a 95°C, seguido de 35 ciclos de desnaturação de 30 s a 95°C, 30 s de anelamento a 57°C, 1 min de extensão a 72°C, finalizando com um ciclo 10 min a 72°C. Os produtos de PCR obtidos foram purificados, quantificados e enviados para sequenciamento na Macrogen. Para análise das sequências e identificação da espécie foram utilizados o programa *SeqAssem* e a busca por similaridade foi feita no *GenBank*. Foram identificadas duas espécies de *F. proliferatum*, 47 de *F. oxysporum* e 22 de *F. solani*. Dos isolados recuperados na Bahia 64% são das espécies *F. oxysporum* e 36% são *F. solani*, mostrando que a fusariose do maracujazeiro amarelo na Bahia pode ser causada pelas duas espécies, o que implica que o desenvolvimento de variedades resistentes deve ser direcionado tanto para *F. oxysporum* f. sp. *passiflorae* quanto para *F. solani*.

Palavras-chave: *Passiflora* spp.; melhoramento; podridão radicular