

## Identificação molecular de *Fusarium* spp. associados à fusariose do maracujazeiro com ênfase no Estado da Bahia

Marcela Passos Cavalcanti<sup>1</sup>; Cristiane de Jesus Barbosa<sup>2</sup>; Alessandra Selbach Schnadelbach<sup>3</sup>; Luciana Veiga Barbosa<sup>3</sup>; Fernando Haddad<sup>2</sup>; Saulo Alves Santos de Oliveira<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Bióloga, Programa de Pós Graduação em Genética e Biodiversidade da Universidade Federal da Bahia; <sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura; <sup>3</sup>Universidade Federal da Bahia. E-mails: marcelapcavalcanti@hotmail.com, cristiane.barbosa@embrapa.br, alessandra.schnadelbach@gmail.com, fernando.haddad@embrapa.br

A fusariose do maracujazeiro é causada por fungos das espécies *Fusarium oxysporum* f. sp. *passiflorae* (FO) e *F. solani* (FS) e seus principais sintomas incluem a murcha e podridão das raízes, respectivamente. A sintomatologia externa observada nas infecções causadas pelas duas espécies podem ser muito semelhantes. No Brasil, especialmente na Bahia, a fusariose tem causado severos prejuízos econômicos. **Objetivo** – O objetivo deste trabalho foi identificar espécies associadas à fusariose do maracujazeiro provenientes de pomares com histórico de fusariose do estado da Bahia, assim como investigar o monofiletismo das linhagens de *Fusarium* associados a estas espécies. **Metodologia** – Foram utilizados 88 isolados de *Fusarium* spp. cedidos pelas micotecas dos Laboratórios de Fitopatologia da Embrapa Mandioca e Fruticultura e Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola, recuperados de amostras de raiz e/ou colo de plantas com sintomas, de sementes e de frutos pós-colheita e mantidos em culturas monospóricas para este estudo. Inicialmente os isolados foram identificados por meio de comparação de sequências do gene do fator de alongamento da tradução 1 $\alpha$  (*tef-1 $\alpha$* ) com sequências do banco de dados do NCBI. Para investigar origem filogenética, foram realizadas análises de Máxima Parcimônia, Inferência Bayesiana e Neighbor Joining. **Resultados** – Na Bahia, os isolados identificados foram 59,5% FO, 31,1% a FS, e 9,4% *F. proliferatum* e *F. fujikuroi*, sendo estas últimas espécies até o momento não descritas como agentes causais da fusariose no maracujazeiro. Dos isolados provenientes de outros estados, 86% são FO e 14% FS. Os dados comprovam a ocorrência das espécies FO e FS como agentes causais da fusariose na Bahia, com maior prevalência de FO. As análises filogenéticas evidenciaram a origem polifilética das linhagens de ambas espécies que ocorrem no Estado da Bahia. **Conclusão** – A ocorrência de FO e FS na Bahia implica que os programas de melhoramento devem ser direcionados a ambas espécies, afim de garantir genótipos produtivos, adaptados e resistentes a fusariose. As múltiplas origens destes agentes causais devem ser consideradas em estudos posteriores de patogenicidade e agressividade. Esta pesquisa teve o apoio financeiro da Fapesb.

**Palavras-chave:** *Passiflora* spp.; murcha; podridão fusariana; polifiletismo.