

Identificação molecular de espécies causadoras de podridões radiculares em mandioca

Juliana Barros Ramos¹; Sandielle Araújo Vilas Boas²; Saulo Alves Santos de Oliveira³

¹Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Bolsista IC Fapesb; ²Mestra pelo programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ³Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: jb.ramos@live.com, sandyvilasboas@hotmail.com, saulo.oliveira@embrapa.br

Introdução – No Brasil, a cultura da mandioca desempenha papel importante no desenvolvimento socioeconômico do país. A cultura vem sofrendo perdas significativas em sua produção, ocasionadas muitas vezes por problemas fitossanitários, sobretudo doenças do sistema radicular, como a podridão radicular da mandioca. Esta doença é considerada uma das mais destrutivas da cultura, no entanto não há na literatura uma descrição detalhada das principais espécies de patógenos causadores dessa doença, nem da sua distribuição nas diferentes regiões produtoras.

Objetivos – Identificar as espécies de fungos e oomicetos causadores de podridão radicular em mandioca em diferentes localidades produtoras. **Material e Métodos** – Amostras de raízes com sintomas de podridão foram coletadas em diferentes regiões produtoras nos estados da Bahia, Sergipe, Paraíba, Maranhão, Tocantins e Paraná, as quais foram cortadas em pequenas partes de aproximadamente 0,5 cm, esterilizadas por 2 minutos em solução de hipoclorito de sódio a 10%, em seguida, imersos por 2 minutos em álcool 70% e posteriormente lavados com água destilada esterilizada. Os fragmentos foram postos para secar sobre papel filtro esterilizado, e logo depois colocados em meio batata dextrose ágar (BDA) e incubados a 25°C por 5-7 dias. Após a obtenção dos isolados foi feita a caracterização morfológica com auxílio de chaves de classificação. O DNA total dos isolados foi extraído a partir do crescimento micelial em meio líquido, e a amplificação da região ITS (*Internal Transcribed Spacer*) do rDNA dos isolados foi realizada utilizando-se os iniciadores universais ITS1 (5' TCC GTA GGT GAA CCT GCG G 3') e ITS4 (5' TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC 3'). **Resultados** – Um total de 93 isolados foi obtido, 72 desses foram caracterizados, restando 21 a serem avaliados. Os 72 isolados caracterizados, foram distribuídos em 14 espécies de fungos, identificadas com base na região ITS do rDNA (ITS1, ITS2 e 5,8S), pertencentes aos gêneros: *Fusarium* (75,68%), *Lasiodiplodia* (10,81%), *Neoscytalidium* (8,11%), *Phomopsis* (1,35%), *Diaporthe* (1,35%), *Phytophthora* (1,35%) e *Nectria* (cuja fase anamórfica não é *Fusarium*) (1,35%). Diferentes composições de espécies foram encontradas, sendo que espécies do gênero *Fusarium* foram encontradas em quase todas as localidades amostradas, à exceção de Areia (PB) e Palmas (TO). Além disso, detectaram-se alguns casos de espécies restritas a determinada região geográfica, a exemplo de *F. graminearum* nos municípios do Paraná e *N. hyalinum* e *L. theobromae*, encontrados apenas em municípios das regiões Norte e Nordeste do Brasil. Considerando os quinze municípios de coleta, Cruz das Almas apresentou a maior diversidade e de espécies (12 espécies).

Conclusões – A podridão radicular em mandioca é causada por mais de uma espécie e há ocorrência de diferentes espécies causando doença na mandioca na mesma região.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*; resistência de plantas; podridão da raiz; região ITS.