

Caracterização de agentes causadores de doenças associados a genótipos de *Paspalum* sp.

Maria Eduarda Pavani Ferreira¹; Sônia Regina Nogueira Stephan².

¹Aluna de graduação em Biotecnologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP. Bolsista PIBIC/CNPq, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP; mariapavani@estudante.ufscar.br.

²Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

Paspalum sp. é um gênero de forrageiras de importância agrônômica, no Brasil encontra-se bem distribuído, sendo encontradas espécies do Rio Grande do Sul ao Amapá. O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Paspalum* da Embrapa Pecuária Sudeste possui cerca de 60 espécies divididas em 538 acessos. A antracnose, causada pelo gênero *Colletotrichum*, é uma das principais doenças que ataca essa forrageira, afetando todo o desenvolvimento da planta no campo, porém ainda sem a caracterização das espécies causais. O fungo *Bipolaris* sp. também foi encontrado em diversos acessos do BAG, identificado morfológicamente, sem definição de espécie. Esse trabalho visa caracterizar, por meios morfológicos e moleculares, as espécies fitopatogênicas encontradas em *Paspalum*. Os fungos foram isolados de fragmentos de folhas com sintomas de antracnose e mancha foliar causada por *Bipolaris* sp., que passaram por assepsia e foram depositadas em placas de Petri com meio BDA. Após a obtenção de culturas puras, foi realizado culturas monospóricas, com a observação de placas de Petri contendo 30 µL de suspensão diluída de esporos n⁻⁴ e n⁻⁵ sob microscópio estereoscópico e repicagem das culturas com origem de um único esporo. O micélio de cada uma das culturas monospóricas foi retirado do ágar com o auxílio de uma agulha esterilizada e congelado em nitrogênio líquido. O DNA foi extraído a partir do macerado de micélio. Foi realizado PCR com primer da região conservada ITS e purificação com o kit Wizard® SV Gel and PCR Clean-up System. As amostras do DNA, com uma concentração de 2µg/µL, foram enviadas para sequenciamento. As sequências obtidas foram editadas e submetidas ao Blast de nucleotídeos do banco de dados National Center for Biotechnology Information (NCBI) e Unite. Os resultados obtidos até o momento das amostras caracterizadas morfológicamente como *Bipolaris* foram a maioria *Bipolaris* sp., porém três amostras resultaram o gênero *Curvularia*. Uma amostra teve resultado inconclusivo. As amostras consideradas morfológicamente como *Colletotrichum* sp. foram identificadas como *Fusarium* sp., com grande variação de espécies, sendo prevalente *Fusarium oxysporum*, mas tiveram resultados de outras espécies, como *F. verticillioides*, *F. fujikuroi* e *F. proliferatum*. Os resultados preliminares, utilizando somente a região ITS para a análise não foram suficientes para definir as espécies com segurança, sendo necessário o sequenciamento de outras regiões para confirmar os resultados.

Apoio financeiro: Embrapa/CNPq

Área: Ciências Biológicas, Ciências Agrárias

Palavras-chave: *Colletotrichum*, *Bipolaris*, Forrageira, Fungos

N. do Processo PIBIC/CNPq: 151517/2023-1