

Análise da variabilidade genética de *Botryosphaeria* spp, um dos agentes causadores da morte descendente da videira

Andréia Russi¹; Rafaela Nalin¹; Renata Gava² Vera Quecini²; Lucas Garrido²; Patricia Ritschel²

¹Universidade de Caxias do Sul, Bolsista da Embrapa Uva e Vinho, Caixa Postal 130, 95700-000, Bento Gonçalves, RS, Brasil; ²Embrapa Uva e Vinho, Caixa Postal 130, 95700-000, Bento Gonçalves, RS, Brasil.

O declínio ou morte descendente da videira é uma doença caracterizada pela morte lenta e gradual das partes da planta. Os sintomas consistem em retardamento da brotação, deformação de ramos, presença de manchas cloróticas e folhas pequenas com margens necrosadas, além de redução drástica no vigor, secamento de ramos e morte da planta¹. Dentre os agentes causadores do declínio na videira, destaca-se o fungo *Botryosphaeria* spp..

Este trabalho teve como objetivo principal avaliar a variabilidade genética de diferentes isolados do fungo *Botryosphaeria* spp., pertencentes a coleção mantida pelo Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Uva e Vinho, visando complementar o trabalho de identificação morfológica das espécies que ocorrem no Brasil.

Quarenta e quatro isolados, procedentes de quatro estados da região Sul e Sudeste do Brasil, foram coletados em diferentes cultivares de videira, com sintomas de morte descendente. A análise molecular procedeu com a extração de DNA do fungo e amplificação de fragmentos por PCR, utilizando os iniciadores ITS4 e ITS5, que amplificam a regiões conservadas localizadas em genes de RNA ribossômicos². Estas regiões têm contribuído para estudos taxonômicos, principalmente em fungos. Para gerar polimorfismos na região ITS foi utilizada a digestão com nove enzimas de restrição. Os polimorfismos resultantes foram analisados possibilitando gerar uma matriz de similaridade construída pela estimativa da similaridade genética (coeficiente DICE) entre cada isolado, procedendo-se à análise de agrupamento (UPGMA).

Por meio da amplificação da região ITS, seguida pela digestão por enzimas de restrição, foram verificados polimorfismos entre os 44 isolados de *Botryosphaeria* spp.. A análise de agrupamento revelou a presença de um total de 21 grupos. Dois grupos mostraram-se bastante diferentes, apresentando apenas 24% de similaridade entre si. O grupo maior subdivide-se em dois, que apresentam cerca de 64% de similaridade. As demais ramificações do dendrograma apresentaram similaridade superior a 81% entre os 44 isolados, sugerindo que os mesmos pertençam à mesma espécie.

Referências

¹Garrido, L. da R.; Sônego, O. R. **Doenças Fúngicas e Medidas de Controle**. Uvas Viníferas para Processamento em Regiões de Clima Temperado. Embrapa Uva e Vinho. Sistema de Produção, 4 ISSN 1678-8761 Versão Eletrônica. Jul./2003.

²White, T. J., T. Bruns, S. Lee, and J. W. Taylor.. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. Pp. 315-322 In: **PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications**, eds. Innis, M. A., D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, and T. J. White. Academic Press, Inc., New York, 1990.