



MICOLOGIA

1778

Variabilidade de sequencia da região ITS do DNA ribossomal de isolados brasileiros de *Alternaria* obtidos em espécies de *Allium*

(Sequence variability of the ITS rDNA region of Brazilian *Alternaria* isolates from *Allium* species)

Fonseca, M.E.N.¹; Andrade, M.T.²; Santos, M.D.M.³; Cabral, C.S.⁴; Boiteux, L.S.¹; Reis A.¹,

¹Embrapa Hortaliças; ²Estudante de mestrado UnB; ³Estudante de doutorado, UnB; ⁴Estudante de mestrado, UFRPE. E-mail: mairatandrade@gmail.com

Alternaria porri é o fungo relatado como sendo o agente causal da mancha-púrpura, principal doença foliar das aliáceas, no Brasil. Recentemente, os produtores de alho e cebola têm enfrentado dificuldades no controle químico da doença, o que pode ser consequência de mudanças genéticas na população do fungo. O objetivo do presente trabalho foi realizar a caracterização molecular, via sequenciamento da região ITS, de isolados de *Alternaria* visando verificar possíveis variações genéticas e/ou a emergência de novas espécies causando a mancha púrpura das aliáceas no país. Foram caracterizados 80 isolados de *Alternaria* obtidos em lavouras de alho, cebola, alho-poró e cebolinha em todo o país. Estes foram cultivados em meio BDA e o DNA foi extraído do micélio do fungo pelo método CTAB. A amplificação via PCR foi conduzida com iniciadores de síntese ITS4 e ITS5. Os amplicons foram purificados do gel de agarose e seqüenciados diretamente com os mesmos iniciadores, seguindo o protocolo BigDye® em um sequenciador ABI Prism (modelo 3100) da Embrapa Hortaliças. A avaliação da qualidade das seqüências foi feita com o programa SeqMan e o alinhamento com seqüências disponíveis no GenBank foi realizado com o programa Megalign. A análise filogenética foi realizada com o critério de parcimônia e o suporte dos agrupamentos foi avaliado por “Bootstrap” (500 repetições) no programa PAUP 4.0. *Stemphylium botryosum* foi empregado como grupo externo. Sessenta e um isolados foram alocados no grupo-específico porri (que inclui *A. solani*, *A. porri* e *A. dauci*) e 15 isolados no grupo-específico alternata (que inclui *A. alternata*, *A. longipes* e *A. tenuissima*). No entanto, quatro isolados foram alocados em um ramo distinto (suporte de “Bootstrap” de 97) e podem representar um grupamento taxonômico diferente daqueles reportados em Alliáceas no Brasil. Testes de infectividade serão conduzidos para verificar a associação desses isolados com sintomas do tipo “mancha-púrpura” em acessos de *Allium* spp.