

INCIDÊNCIA, MORFOLOGIA E FILOGENIA DE *Fusarium oxysporum* EM *Carya illinoensis*.

Tales Poletto¹; Marlove F. B. Muniz²; Jéssica E. Rabuske³; Jéssica M. Rolim⁴; Felipe Vedovatto³; Carine Baggio³; Igor Poletto⁵

1. Estudante de Graduação em Engenharia Florestal da Universidade Federal de Santa Maria/RS. *tecnicotales@hotmail.com
2. Professora do Departamento de Defesa Fitossanitária, UFSM, Santa Maria/RS.
3. Mestrando (a) da Universidade Federal de Santa Maria, UFSM, Santa Maria/RS.
4. Estudante de Engenharia Florestal, UFSM, Santa Maria/RS.
5. Professor do Departamento de Bioquímica, UNIPAMPA, São Gabriel/RS.

Palavras Chave: fitopatologia, identificação molecular, noqueira-pecã.

Introdução

As sementes de noqueira-pecã [*Carya illinoensis* (Wangenh.) K. Koch] possuem dormência, provocando demora no processo germinativo e suscetibilidade à fungos fitopatogênicos, causadores de podridão de raízes. Objetivou-se, neste trabalho, determinar o patógeno causador da podridão-de raízes em mudas, verificar a influência de métodos de superação de dormência em sua ocorrência, bem como, caracterizar morfológica e molecularmente o agente patogênico.

Resultados e Discussão

Nos tratamentos de superação da dormência T1, T5, T9, as sementes permaneceram nas condições do ambiente por 30, 60 e 90 dias respectivamente; T2, T6, T10, as sementes permaneceram em ambiente por 30, 60 e 90 dias e após escarificadas; T3, T7, T11, as sementes receberam estratificação úmida a 4°C por 30, 60 e 90 dias; e T4, T8, T12, escarificação mais estratificação úmida a 4°C por 30, 60 e 90 dias, respectivamente. Após cada período, foram semeadas 30 sementes de cada tratamento em substrato comercial e mantidas a 25°C ±2°C sob fotoperíodo de 12 h por 14 semanas e após, realizou-se a avaliação. A incidência de podridão-de-raízes foi quantificada pela porcentagem de mudas sintomáticas. O fungo causador das lesões foi isolado para meio de cultura BDA e CLA, purificado através da técnica monospórica, posteriormente realizou-se a caracterização morfológica. Para caracterização molecular o patógeno foi submetido à técnica da PCR e seus produtos ao seqüenciamento. Os primers ITS1 e ITS4; EF1-T e EF1-1567R; Btub-F e Btub-R, foram utilizados para amplificar a regiões do ITS, e dos genes, FE1 α e β tubulina, respectivamente. Analisou-se as seqüências por similaridade às depositadas no GenBank e

utilizou-se os programas BioEdit e Mega6 para alinhamento e análise filogenética através dos métodos Neighbour-joining e Bootstrap com 1000 replicatas. A maior incidência da doença foi observada nos tratamentos em que as sementes permaneceram em ambiente, e/ou quando permaneceram em ambiente e depois escarificadas, o qual tiveram incidência de 80 a 65%. Os tratamentos que receberam estratificação ou a combinação da escarificação com a estratificação tiveram valores de incidência menores, variado de 46,6 até 33,3%. A colônia do patógeno em meio DBA apresentou pigmentação roxo-escuro. Os macroconídios originaram-se de esporodóquios abundantes de cor laranja-pálido, geralmente com 4 a 5 septos e medindo 37,5-50 x 5-6,2 μ m. As seqüência ITS, FE1 α e β tubulina apresentaram 100% (JN222394) 99% (EU246571) e 97% (KJ001537) de similaridade à *Fusarium oxysporum*. A análise filogenética mostrou que, apesar da alta similaridade do gene β tubulina (97%), o valor do bootstrap foi de 50% para o mesmo *clade*, considerando-o ineficiente para determinação da espécie, pois somente valores acima de 90 % são confiáveis, enquanto a região do ITS e do FE1 α tiveram valores de bootstrap de 98 e 100% no *clade* respectivamente, podendo ser considerados mais adequados para determinação da espécie.

Conclusões

A superação da dormência de sementes contribui para prevenção da podridão de raízes em mudas da espécie. O agente patogênico foi identificado como *F. oxysporum*. O gene mais adequado para determinação da espécie foi o FE1 α .

Agradecimentos

CNPQ, FAPERGS, UFSM.