



Simpósio de Integração Acadêmica

“Bicentenário da Independência: 200 anos de ciência, tecnologia e inovação no Brasil e 96 anos de contribuição da UFV”

SIA UFV 2022



Identificação e diversidade genética de *Calonectria candelabra* s.l. em plantios comerciais de eucalipto no Brasil

Camila Ferreira Paixão^{1a}, Rafael Ferreira Alfenas^{1b}, Acelino Couto Alfenas^{1c}, Willian Marlon de Oliveira^{1d}, Márcia Ferreira Queiroz^{1e}, Fernando Montezano Fernandes^{1f}

1- Departamento de Fitopatologia – Universidade Federal de Viçosa

^a camila.paixão@ufv.br, ^b rafael.alfenas@ufv.br, ^c aalfenas@ufv.br, ^d willian.Marlon@ufv.br, ^e marcia.queiroz@ufv.br, ^f fernando.montezano@ufv.br

Área temática: Fitopatologia Florestal

Calonectria candelabra, mancha foliar, identificação molecular

Introdução

Espécies de *Calonectria* podem causar a mancha foliar em eucalipto, mas nos últimos anos, os surtos da mancha-de-calonectria foram atribuídos à espécie *C. pteridis*. Resultados recentes de diagnose de plantas com sintomas de mancha foliar, têm revelado com frequência a presença de espécies pertencente ao complexo *Calonectria candelabra*.

Apesar da mancha-de-calonectria, ser considerada uma das principais doenças fúngicas do eucalipto, sabe-se pouco a respeito da distribuição e diversidade genética de populações de espécies do complexo *C. candelabra* no Brasil (Alfenas et al. 2009, 2013, 2015).

Conhecer a população do patógeno responsável pelas epidemias da doença, é fundamental para obter sucesso na seleção de genótipos de eucalipto resistentes à doença.

Objetivos

Identificar as espécies de *Calonectria* encontradas em plantios comerciais de eucalipto no Brasil.

Material e Métodos

Foram analisadas amostras de solo e plantas com sintomas característicos da doença. Isolamentos foram realizados para obtenção de culturas puras e, a partir delas, as culturas monopóricas para extração do DNA. Em seguida, a identificação molecular foi baseada em sequências parciais do gene codificador de Fator de alongação 1- α (*tef1*), através do processo de PCR. O produto da PCR foi purificado para, posteriormente, ser sequenciado.

Resultados e Discussão

Análises filogenéticas foram realizadas pelos métodos de Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana. As sequências de consenso foram montadas usando o software SeqAssem. Além dos 81 táxons sob investigação, listados na Figura 1 com prefixo LPF, sequências adicionais foram recuperadas do GenBank. Trinta e oito táxons foram incluídos neste estudo, representando 18 espécies de *Calonectria* spp. e um *outgroup* (*Curviadiella cigneae*).

Resultados e Discussão

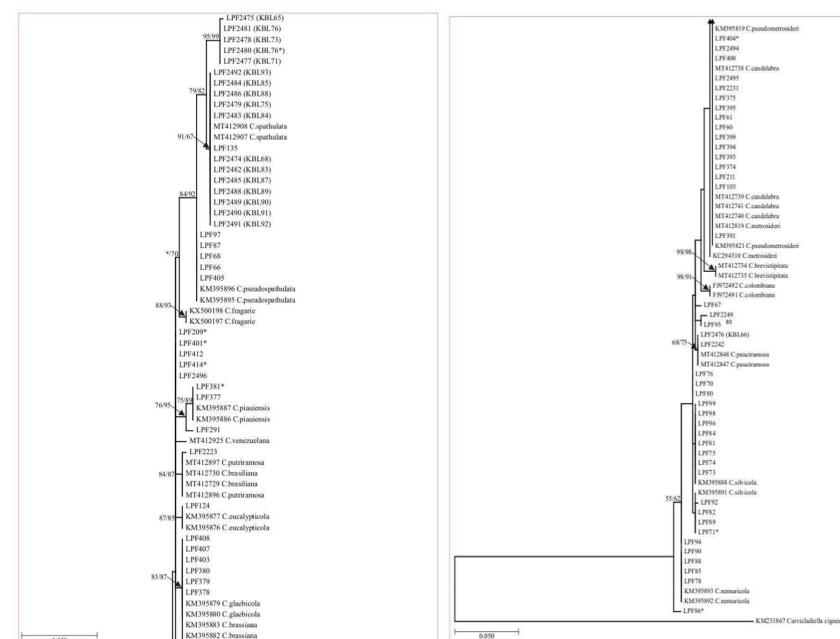


Figura 1: Árvore filogenética dos isolados do complexo *Calonectria candelabra*

Conclusões

Devido ao estudo de identificação de espécies do complexo *Calonectria candelabra* ser algo pioneiro, essa fase concluída neste trabalho, constitui-se como um dos principais indicadores para estabelecer medidas de controle e selecionar genótipos mais resistentes ao patógeno.

Bibliografia

- Alfenas AC, Zauza EAV, Mafia RG, Assis TF (2009) Clonagem e doenças do eucalipto. 2a. Ed. Viçosa: Editora UFV;
- Alfenas RF, Pereira OL, Jorge VL, et al. (2013). A new species of *Calonectria* causing leaf blight and cutting rot of three forest tree species in Brazil. *Tropical Plant Pathology* 38: 513–521;
- Alfenas RF, Lombard L, Pereira OL, Alfenas AC, Crous PW (2015). Diversity and potential impact of *Calonectria* species in *Eucalyptus* plantations in Brazil. *Studies in Mycology* 80: 89-130.

Apoio Financeiro e Agradecimentos

