

Queima-de-alternária: nova doença foliar do mamoeiro no Brasil

Francisco Marto Pinto Viana¹; Marlon Vagner Valentim Martins²; Sueli Correa Marques de Mello³; Peter Ward Inglis⁴; José Emilson Cardoso⁵

Doutor em Fitopatologia. Pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Rua Dra. Sara Mesquita, 2270, Planalto do Pici CEP 60511-110, Fortaleza-CE; ²Doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza-CE, marlon.valentim@embrapa.br; ³Doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.; ⁴Doutor em Genética e Biologia Molecular, bolsista CNPq/ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, peterwinglis@gmail.com; ⁵Doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza-CE, jose-emilson.cardoso@embrapa.br.

Autor correspondência: Francisco Marto Pinto Viana (marto.viana@embrapa.br)

Data de chegada: 01/09/2014. Aceito para publicação em: 16/10/2014.

10.1590/0100-5405/2032

A partir de novembro de 2009, na região litorânea do estado do Ceará, no município de Paraipaba, no Campo Experimental da Embrapa Agroindústria Tropical, verificou-se a ocorrência de sintomas atípicos em folhas de mamoeiro de dois pomares experimentais de mamoeiro dos dois grupos: 'Solo' e 'Formosa'. Inicialmente, atribuiu-se os sintomas a ventos que, nessa época, estariam associados à elevadas temperaturas no intervalo entre 11:30 e 14:30 h ou à deficiência hídrica ou ainda à excesso de adubação nitrogenada, sendo todos esses fatores descartados em posteriores estudos.

Os sintomas se caracterizavam por queima nos ápices dos lóbulos foliares que secavam e depois ficavam crestados, podendo as lesões ocorrer também no pecíolo em forma de losangos bem definidos e escuros, sobre as quais se encontravam as frutificações do patógeno (Fig. 1A). Manchas no pecíolo eram mais comuns em folhas mais velhas que depois secavam e crestavam. Folhas sintomáticas envelheciam mais rápido. Nos anos de 2011 até 2013, em visitas a pomares comerciais na região de ocorrência (Litoral) confirmaram-se a disseminação da doença em pomares de forma endêmica. Afastada a possibilidade de razões abióticas para os sintomas observados, passou-se a verificar a hipótese de um microrganismo como agente causal. Para isso, coletaram-se folhas sintomáticas que foram conduzidas ao Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Agroindústria Tropical. Todas as observações microscópicas revelaram a associação constante de um fungo às lesões. Após o isolamento e crescimento do microrganismo em meio sintético (BDA), pôs-se em prática os postulados de Koch. Examinado o isolado de lesão de planta inoculada e comparado com a literatura micológica especializada verificou-se que se tratava do fungo *Alternaria alternata* (Fr.) Keissl., patógeno conhecido por já causar doença em frutos de mamão em pós-colheita (ELLIS, M.B. Dematiaceous hyphomycetes, 1971; Rotem, J. The genus *Alternaria*,

1994) (Fig. 1B).

De maneira a confirmar a etiologia dessa nova forma de ataque do fungo às plantas de mamoeiro, foram efetuados testes moleculares. O DNA do fungo foi extraído (kit *Qiagen DNeasy*), incluindo um passo de ruptura com *mini bead beater*. Através de PCR, amplificaram-se as regiões ITS1 e ITS2, bem como a região central 5.8S do rDNA do fungo a partir dos iniciadores ITS1 e ITS4 (White et al., Amplification and direct..., 1990). As duas fitas do produto de PCR foram sequenciadas (kit 3,1 *Big Dye*- Applied Biosystems) em sequenciador automático (Applied Biosystems 3730). Um alinhamento múltiplo foi efetuado com algumas seqüências referenciais de *A. alternata* e fungos relacionados providas pelo *Genbank*, utilizando-se o programa MUSCLE (Edgar, R.C. Nucleic Acids Research 32:1792, 2004).

A análise filogenética foi realizada com o alinhamento das seqüências selecionadas, usando inferência filogenética Bayesiana, com o programa MrBayes v. 3.1.2 (Ronquist & Huelsenbeck, Bioinformatics, 19:1572, 2003). Foi utilizada a configuração padrão do programa e o modelo utilizado na análise foi o HKY + I + G, descritos como o ideal, de acordo com o Critério de Informação de Akaike corrigido, usando jModelTest v 0.1 (Posada, Bioinformatics, 19:1572, 2008). A análise ocorreu ao longo de cinco milhões de gerações, com a amostragem das árvores a cada 1000 gerações, o que foi suficiente para o desvio padrão dos *split frequencies* cair abaixo de 0,005. Os primeiros 25% das árvores foram descartados antes do cálculo de árvore de consenso (o "burnin"). As árvores foram enraizadas usando a seqüência de ITS de *Bipolaris tetramera* como grupo externo (Fig. 1C).

Pelos estudos efetuados, pode-se concluir que o isolado estudado é da espécie *Alternaria alternata* que, como na Índia (Joshi et al., Environment & Ecology, p.37-40, 2012), está incitando uma nova forma de doença no mamoeiro no Brasil.

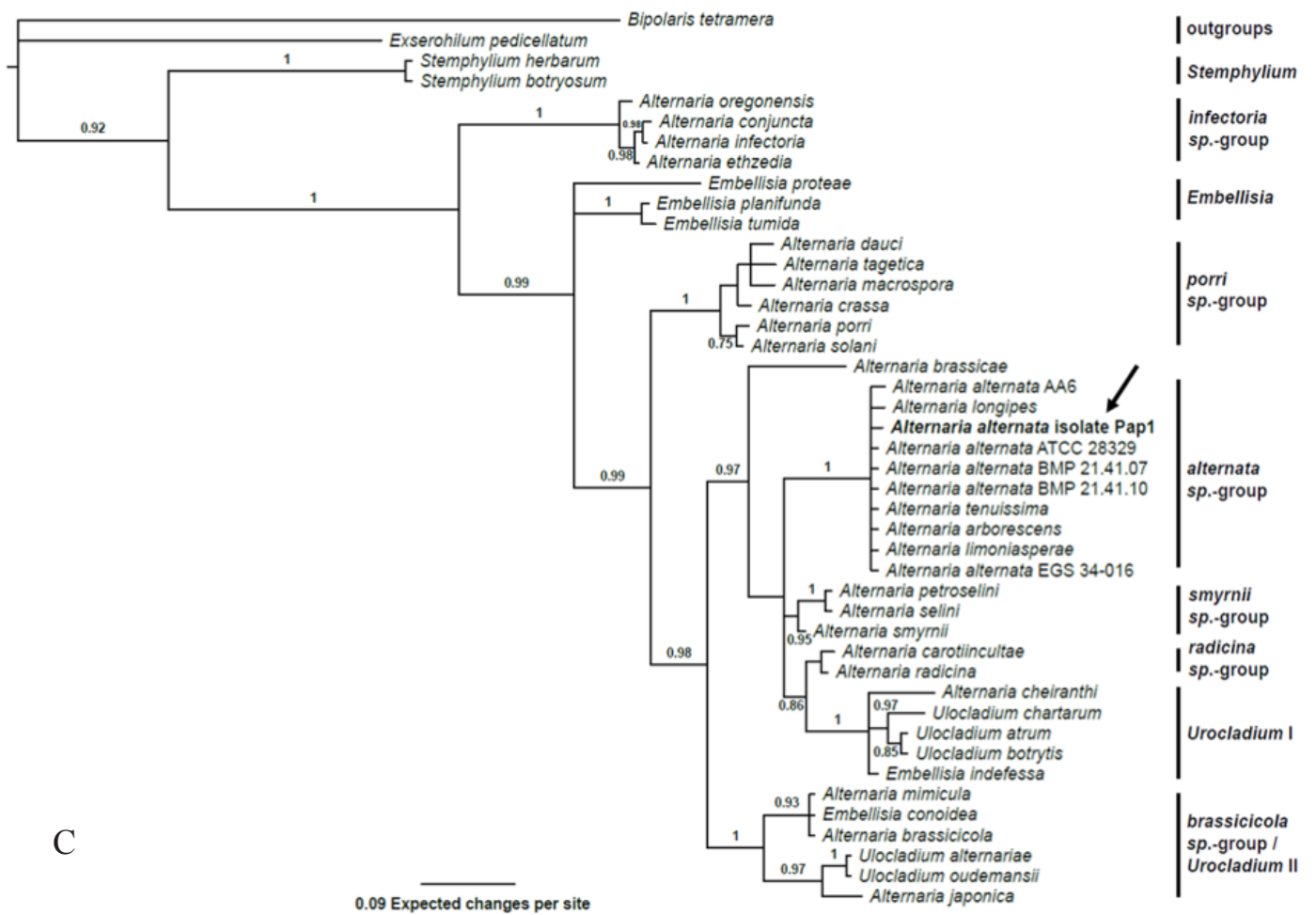
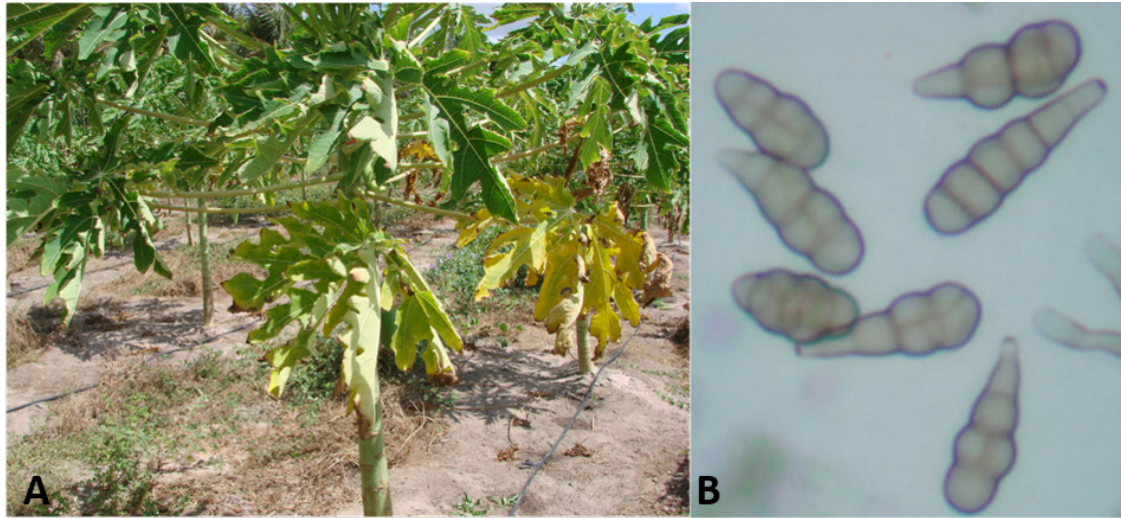


Figura 1. A- Planta de mamoeiro no campo com sintomas causados por *Alternaria alternata*; B- Conídios de *A. alternata* ao microscópio ótico; C- Árvore filogenética Bayesiana mostrando ramificações respaldadas por grupos de valores de credibilidade altamente significativos.