



Diagnóstico precoce evita bacteriose do maracujá

O método desenvolvido na ESALQ para diagnóstico do patógeno pode ser útil aos proprietários de viveiros que podem fazer uma triagem em suas mudas antes de distribuí-las aos produtores, evitando a disseminação da doença

Um pequeno pedaço da folha do maracujá, fruto refrescante e saboroso do qual derivam produtos comestíveis e cosméticos, é suficiente para se proceder ao diagnóstico precoce da presença da bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*, responsável por uma doença que ataca os maracujazeiros e traz prejuízos aos produtores. A pesquisa foi realizada na Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (USP/ESALQ) pela Bióloga e doutoranda Carla de Freitas Munhoz, no Programa de Pós-Graduação (PPG) em Genética e Melhoramento de Plantas. Foi avaliada a diversidade genética de isolados da bactéria patogênica do maracujazeiro e desenvolveu-se um protocolo para a identificação e o diagnóstico desse patógeno.

O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial do fruto, porém a cultura tem registrado significativas perdas pela bacteriose, doença de difícil controle e de ocorrência generalizada. “O patógeno causa a mancha oleosa ou bacteriose do maracujazeiro, doença que além de acarretar a baixa produção de frutos, pode causar a morte das plantas”, revela a pesquisadora.

Assim, a pesquisa orientada por Maria Lúcia Carneiro Vieira, do Departamento de Genética (LGN), teve esforços concentrados para o desenvolvimento de um kit de diagnóstico que indica a presença da bactéria ainda em estágio inicial da doença e pode evitar a disseminação do patógeno e o avanço dos sintomas.

Metodologia

A diversidade genética de uma coleção de 87 isolados bacterianos, coletados em 22 cidades de São Paulo, Minas Gerais, Paraná e Distrito Federal, foi analisada utilizando-se perfis moleculares gerados pela técnica denominada AFLP. Nove isolados que atacam outras lavouras (uva, alho, mandioca e feijão, por exemplo) foram incluídos nas análises genéticas, mostrando perfis moleculares distintos do patovar *passiflorae*. Nos pomares de Bauru, Lençóis Paulista, Piratininga, Avaí, Fernão e Limeira, as plantas estavam doentes, possibilitando a coleta do patógeno. Nos pomares de Lins, Guaimbê, Analândia e Corumbataí não havia incidência da doença. No Vale do Ribeira, percebeu-se que lá não havia incidência da doença, o que pode ser explicado pelo clima da região que, apesar de úmido, não apresenta temperaturas muito elevadas, favoráveis ao patógeno.

Foram detectadas diferenças genéticas, associadas à região geográfica aonde o isolado bacteriano foi coletado. “Parte do genoma da *Xanthomonas* do maracujá foi analisada, comparando-se com os demais patovares e notou-se que existia uma base nucleotídica que diferenciava os isolados que atacam os maracujás dos demais das outras lavouras”, explica Maria Lúcia. “O protocolo molecular desenvolvido para a detecção da bactéria se mostrou eficiente, ou seja, é específico para a detecção da bactéria do maracujá”, ressalta a orientadora. O protocolo é fundamentado na reação em cadeia da polimerase (PCR), que amplifica uma seqüência específica do DNA do patógeno, permitindo se desenvolver um kit que diagnostica a presença da bactéria. “Isso é importante para os produtores e viveiristas, ou seja, dispor de uma metodologia rápida de diagnóstico do patógeno antes do aparecimento dos sintomas. O conjunto de primers (Xapas), desenhado a partir da seqüência intergênica 16S-23S rRNA, se mostrou específico para o patovar *passiflorae*, que foi detectado em toda a nossa coleção”, afirma Carla.

Enfim, as pesquisadoras concluem que o protocolo desenvolvido para o diagnóstico do patógeno é útil aos proprietários de viveiros que podem fazer uma triagem em suas mudas antes de distribuí-las aos produtores, evitando a disseminação da doença. Também, pode ser útil aos pesquisadores que trabalham

com a bacteriose do maracujá para certificarem-se ou da presença (ou não) do patógeno em seus ensaios ou ao coletarem plantas assintomáticas.

O trabalho realizado na ESALQ, com financiamento da FAPESP, também teve a participação de pesquisadores do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e da Universidade Estadual de Londrina (UEL).

Fonte: USP ESALQ