



Bacteriose do maracujazeiro: detecção precoce evita prejuízos



Na **Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq)** da USP, em Piracicaba, uma pesquisa desenvolveu um protocolo para a identificação e o diagnóstico da bactéria patogênica *Xanthomonas axonopodis* *pv.* *passiflorae*, responsável pela **bacteriose do maracujá**, doença que ataca os maracujazeiros. O trabalho da bióloga Carla de Freitas Munhoz avaliou a diversidade genética de isolados da bactéria e estabeleceu um método de diagnóstico precoce que utiliza pequenas amostras de folhas de maracujá.

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 Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), usada em pesquisas genéticas. “Nos pomares de Bauru, Lençóis Paulista, Piratininga, Avaí, Fernão e Limeira, as plantas estavam doentes, possibilitando a coleta da bactéria”, diz a bióloga. “Nos **pomares de Lins**, Guaimbê, Analândia e Corumbataí não havia incidência da doença, assim como no Vale do Ribeira, o que pode ser explicado pelo clima da região que, apesar de úmido, apresenta temperaturas pouco elevadas, não favoráveis ao micro-organismo”.

Foram detectadas diferenças genéticas, associadas à região geográfica onde 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”, ressalta a professora Maria Lúcia Carneiro Vieira, orientadora do trabalho. “O protocolo molecular desenvolvido para a detecção da bactéria se mostrou eficiente, ou seja, é específico para a detecção da bactéria do maracujá”.

O protocolo é fundamentado na **reação em cadeia da polimerase (PCR)**, que amplifica uma sequência 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”, afirma Carla. “O conjunto de primers (Xapas), desenhado a partir da sequência intergênica 16S-23S rRNA, se mostrou específico para a bactéria, e essa sequência permitiu que fosse detectada em toda a nossa coleção”, afirma Carla.

As pesquisadoras apontam 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 Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de maracujá, 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 bióloga.

A pesquisa é descrita na tese de doutorado de Carla de Freitas Munhoz, apresentada no **Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Esalq**. O trabalho foi orientado pela professora Maria Lúcia Carneiro Vieira, do Departamento de Genética (LGN). Os estudos tiveram o apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp) e a participação de pesquisadores do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e da Universidade Estadual de Londrina (UEL), no Paraná.