

## PRIMEIRA CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE *Nothopassalora personata* NA ARGENTINA

Monquillot, J.H<sup>1,2</sup>., Lima, N.B<sup>1,2</sup>., Paredes, J.A<sup>1,2</sup>., Rago, A<sup>3</sup>., Carmona, M<sup>4</sup>., Conforto, C<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> IPAVE-CIAP-INTA; <sup>2</sup> UFyMA-CONICET, <sup>3</sup> CIAP-INTA, <sup>4</sup> Fitopatología, Facultad de Agronomía, UBA; [monquillot.joaquin@inta.gov.ar](mailto:monquillot.joaquin@inta.gov.ar)

### Introdução

Argentina é um dos maiores exportadores de amendoim do mundo. A pinta preta causada por *Nothopassalora personata*, é a doença foliar mais importante do mundo e responsável por perdas importantes na produção do amendoim. Os sintomas são geralmente observados nos folíolos e, em casos graves, nos pecíolos, caule e esporões. As manchas são pequenas, circulares e de coloração marrom a preta. A doença pode produzir uma desfolhação intensa, responsável pelas principais perdas de rendimento. Taxonomicamente o patógeno está classificado como um Ascomycetes, classe Dothideomycetes, ordem Capnodiales, família Mycosphaerellaceae. O objetivo de esse estudo foi a caracterização molecular de três isolados de *N. personata* obtidos da região de produção de amendoim de Córdoba, Argentina.

### Materiais e métodos

Entre março e abril de 2019, folíolos com sintomas de mancha preta foram coletados na área de produção. Após o isolamento e a obtenção de cultivos monosporicos, foi realizada a extração de DNA, utilizando o método de CTAB modificado. Para a identificação molecular, foram amplificadas as regiões parciais da subunidade ribossomal maior 28S nrDNA (LSU), espaçador interno transcrito (ITS), RNA polimerase II (RPB2). Para a análise filogenética foi utilizado o método Bayesiano, utilizando o programa MrBayes, implementado no portal CIPRES (<https://www.phylo.org/portal2/home.action>), prévio cálculo de modelos evolutivos. As probabilidades posteriores foram calculadas após descartar os primeiros 25% das gerações por *burn-in*.

### Resultados



Figura 1. Folíolos com sintoma e signos de *N. personata*

A partir da análise filogenética foi observado um elevado grau de similaridade entre as sequências dos isolados de Las Perdices, Río Cuarto e General Deheza e as sequências da espécie tipo de *Nothopassalora personata* (CBS 142236), para as três regiões analisadas, agrupando em um clado bem suportado com um valor de probabilidade posterior de 1,00.

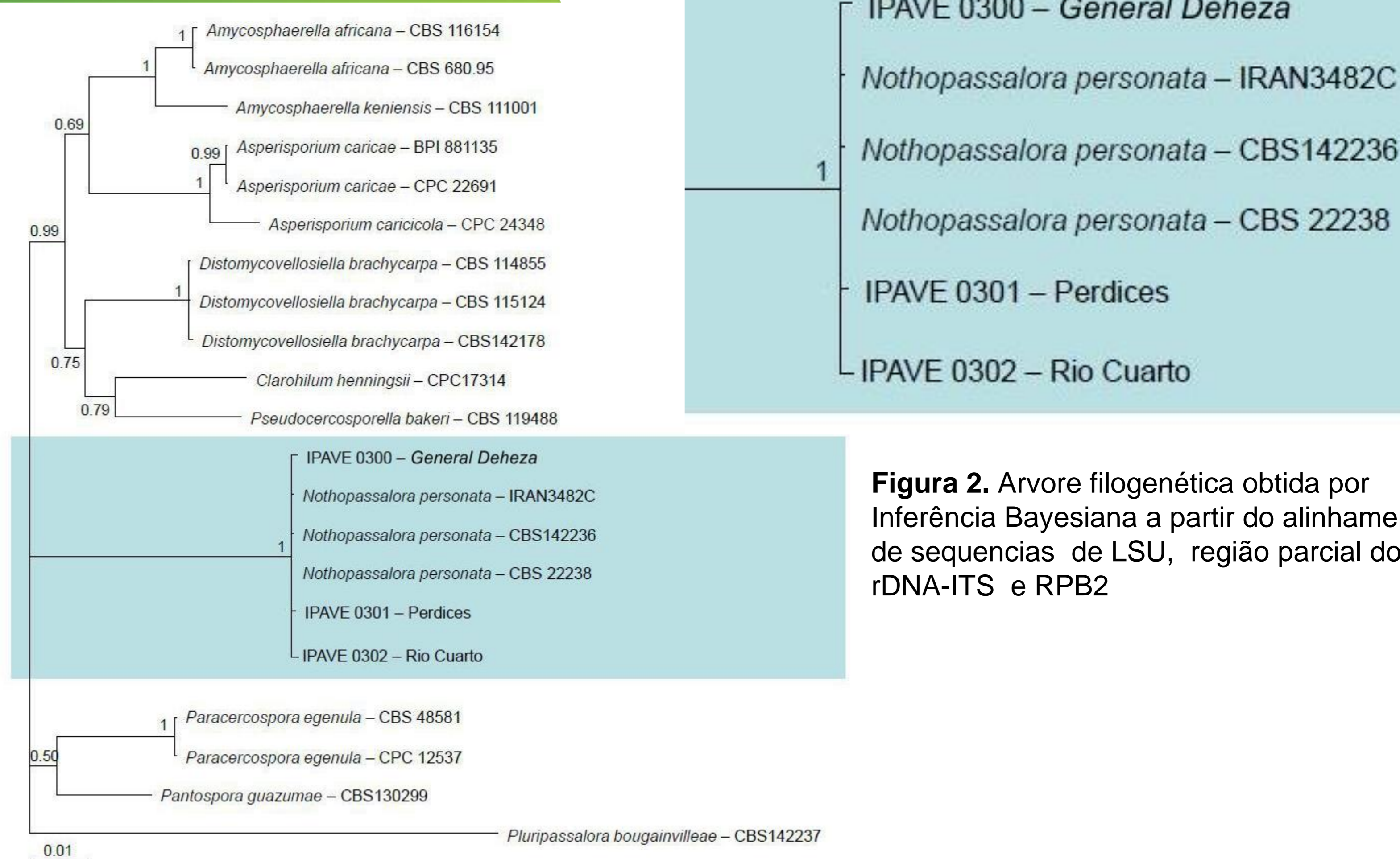


Figura 2. Arvore filogenética obtida por Inferência Bayesiana a partir do alinhamento de sequências de LSU, região parcial do rDNA-ITS e RPB2

### Conclusão

Este estudo representa a primeira caracterização de *Nothopassalora personata*, a partir de análise filogenética multilocus, na Argentina. Gerando informações importantes para o desenvolvimento de estratégias de manejo mais eficientes para o controle da doença.

### Referências

- 1- Conforto *et al.*, 2019. European Journal of Plant Pathology, 155, pp. 1179–1194.
- 2- Giordano *et al.*, 2021. Tropical Plant Pathology, 46, pp. 139–151.
- 3- Videira *et al.*, 2017. Studies in Mycolgy 87, 257–421.
- 4- CIPRES (<https://www.phylo.org/portal2/home.action>)