



Etiologia da podridão de ramos em funcho no Distrito Federal

Sabrina Bartz Pereira¹; Loiselene Carvalho da Trindade²; Vanessa Pereira de Abreu³;

Marcos Gomes da Cunha³ e Eder Marques³

¹Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil; ²Emater, Brasília, DF; ³Universidade Federal de Goiás, Núcleo de Pesquisa em Fitopatologia, Goiânia, GO, Brasil
E-mail: edermarques@ufg.br

O funcho (*Foeniculum vulgare* Mill., Apiaceae) é uma planta aromática exótica, amplamente utilizada na culinária e na indústria farmacêutica, encontrada em jardins e hortas do Brasil. Assim como em outras plantas medicinais e ornamentais, a descrição de doenças nesta espécie é escassa. O objetivo deste trabalho foi caracterizar molecularmente isolados fúngicos associados a podridão de ramos de funcho no Distrito Federal (DF). Em março de 2021, na “Farmácia Viva” da Secretaria de Saúde, DF, foram observadas plantas de funcho, em canteiros a céu aberto, apresentando podridão de ramos. Com base nas amostras coletadas, procedeu-se os isolamentos e o teste de patogenicidade. Foram observados fungos com micélio de coloração arroxeadada, que induziram sintomas de podridão no teste de patogenicidade, cumprindo os postulados de Koch. Dois isolados tiveram seu DNA extraído, que serviu de molde para a amplificação das regiões da betatubulina (TUB), *rpb2* (RNA polimerase 2) e *tef1-α* (fator de alongação 1 - alfa) por meio da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Após a amplificação, os produtos da PCR foram purificados e sequenciados pela Macrogen Inc. As sequências obtidas foram analisadas no BioEdit, comparadas no GenBank e alinhadas no MEGA. Os melhores modelos de substituição de nucleotídeos foram determinados usando o Akaike Information Criterion, implementado no MrMODELTEST. A análise de inferência bayesiana empregou o método da Cadeia Markov Monte Carlo. As árvores filogenéticas de cada região individual e do conjunto de dados concatenado foram confeccionadas utilizando o MrBayes no XSEDE do CIPRES Science Gateway. Com base nas árvores filogenéticas dos genes individuais, não foi possível diferenciar os isolados em nível de espécie. Entretanto, na árvore concatenada dos genes, observou-se que tais isolados agruparam em um clado altamente suportado (PP=1) com as sequências de referência de *Fusarium oxysporum* f. sp. *asparagi*, um fungo não relatado no Brasil.

Palavras-chave: Análises filogenéticas, Erva doce, *Foeniculum vulgare* Mill., fungos fitopatogênicos, plantas medicinais e aromáticas.