

## ESPÉCIES DE *Colletotrichum* ASSOCIADAS À PODRIDÃO-DA-UVA-MADURA NA REGIÃO DA SERRA GAÚCHA

Glomerella

Gabrielli Fontanella (PIBIC – CNPq), Fernando Joel Scariot, Sergio Echeverrigaray, Carine Pedrotti, Joséli Schwambach, Murilo César dos Santos Ana Paula Longaray Delamare (orientadora).



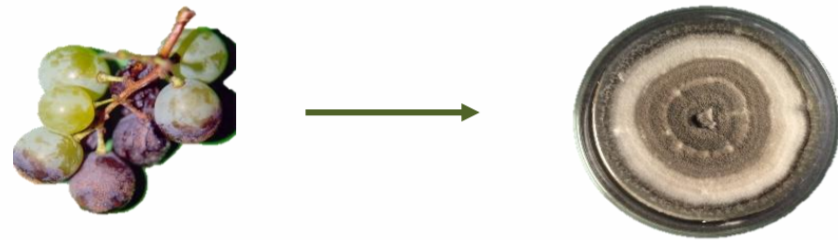
LEMA  
INBI/UCS  
Laboratório de  
Enologia e  
Microbiologia  
Aplicada

### INTRODUÇÃO

A produção de uvas no Brasil está concentrada principalmente no estado do Rio Grande do Sul, responsável por produzir aproximadamente 664 milhões de quilos de uva na safra de 2018 (IBRAVIN; MAPA; SEAPI-RS, 2018). Dentro do estado do Rio Grande do Sul, a região da Serra Gaúcha destaca-se por ser responsável por 85% da produção nacional (IBRAVIN, 2018). O fungo *Colletotrichum spp.* é considerado um dos mais importantes patógenos da cultura, sendo o agente causador da podridão-da-uva-madura e responsável por perdas expressivas na produção de uvas na região da Serra Gaúcha.

### METODOLOGIA

A fim de se realizar um mapeamento das espécies de *Colletotrichum* presentes na região, foram coletadas amostras de frutos com sintomas típicos de podridão-da-uva-madura em vinhedos da Serra Gaúcha, bem como, de frutos de maçã e caqui que são frequentemente atacados pelo patógeno.



Fragmentos de lesões características foram retirados, desinfetados e inoculados em meio BDA até o crescimento micelial.

O DNA dos isolados foi extraído, um fragmento da região ITS foi amplificado por PCR, posteriormente sequenciado e comparado com sequências depositadas no GenBank.



Representantes de cada espécie de *Colletotrichum* encontrada foram caracterizados morfológicamente, quanto ao seu crescimento micelial diário, morfologia e tamanho de esporos.



O crescimento micelial medido com paquímetro diariamente.

Esporos foram medidos com auxílio do programa ImageJ.

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

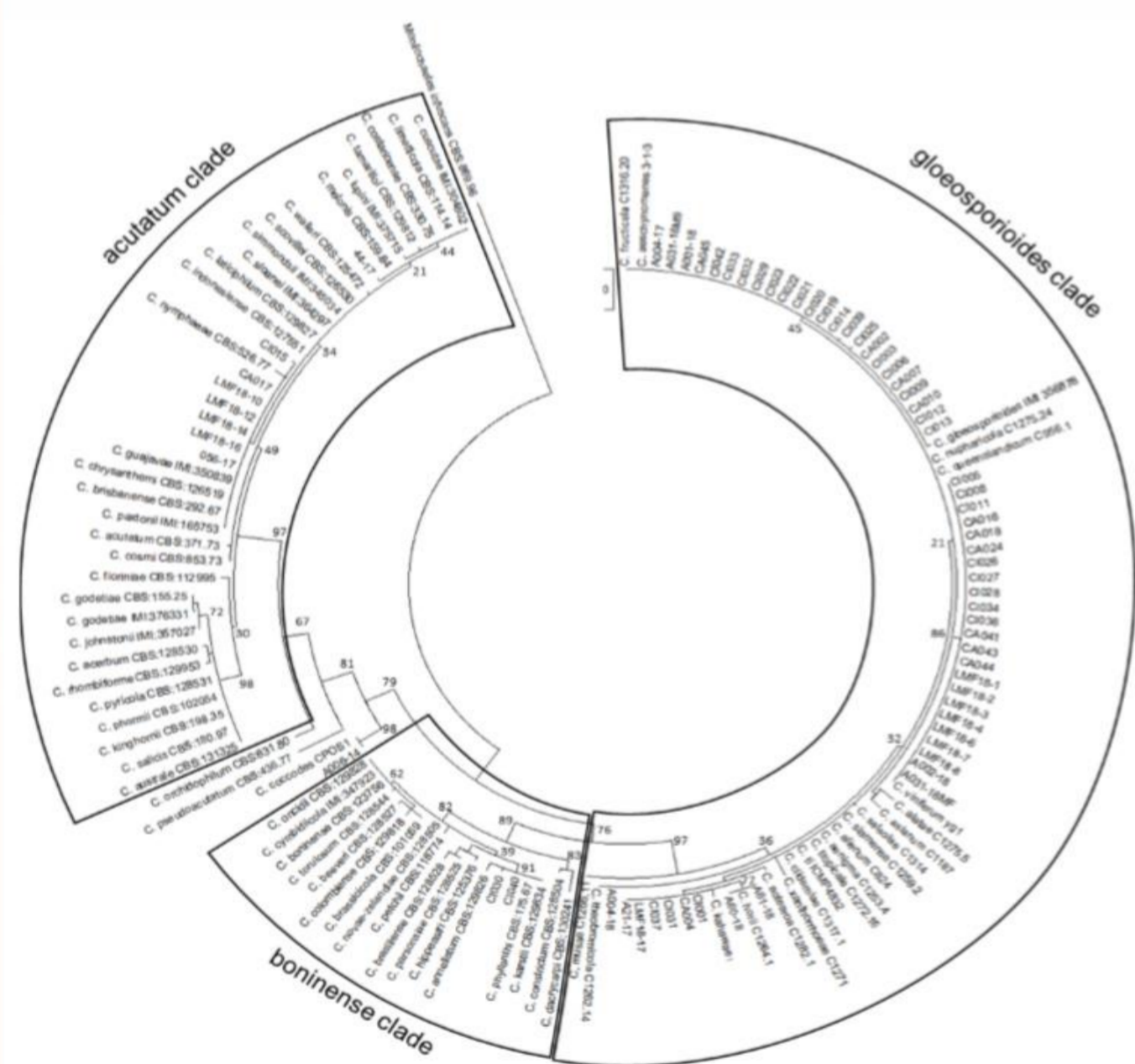


Figura 1: Filograma gerado pelo algoritmo Maximum Likelihood baseado no alinhamento de sequências parciais de rDNA ITS1-5.8S-ITS2, mostrando a relação filogenética das espécies de *Colletotrichum* isoladas na Serra Gaúcha e as cepas de referência do GenBank.

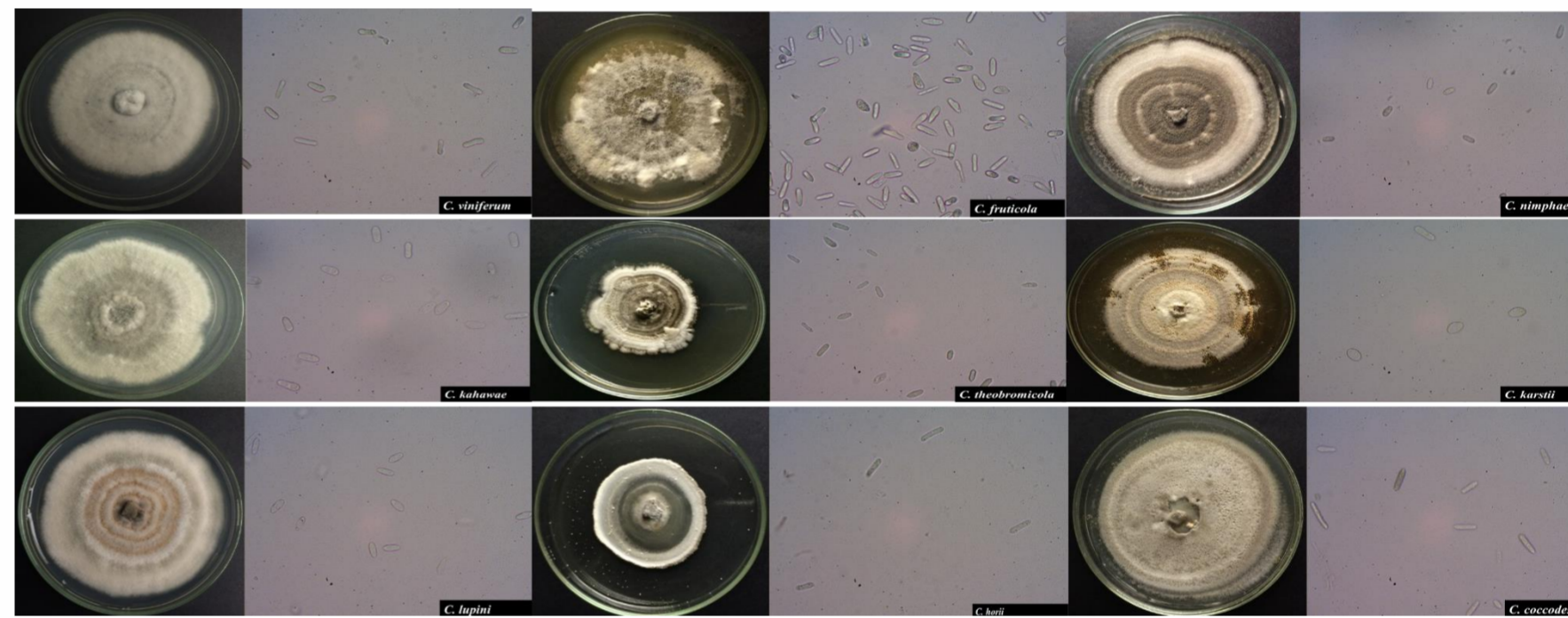


Figura 2: Morfologia de espécies de *Colletotrichum* e seus respectivos esporos. (Fonte: autor).

ESPÉCIE	CRESCIMENTO MICELIAL DIÁRIO (mm/d)	COMPRIMENTO DE ESPOROS (µm)
<i>C. viniferum</i>	7,21 ± 1,7	15,72 ± 2,45
<i>C. fruticola</i>	8,05 ± 1,85	16,12 ± 2,07
<i>C. nymphaeae</i>	4,71 ± 1,15	10,71 ± 1,4
<i>C. kahawae</i>	5,72 ± 2,38	16,59 ± 2,05
<i>C. theobromicola</i>	6,58 ± 0,32	13,98 ± 1,67
<i>C. karsti</i>	4,91 ± 0,62	15,28 ± 1,99
<i>C. lupini</i>	6,09 ± 0,45	14,23 ± 1,74
<i>C. horii</i>	2,05 ± 0,34	20,58 ± 2,27
<i>C. coccodes</i>	5,78 ± 0,2	17,4 ± 2,41

Tabela 1: Medidas de crescimento micelial diário e comprimento de esporos por espécie.

A partir do sequenciamento das amostras coletadas foi possível identificar 7 espécies de *Colletotrichum* associadas a podridão-da-uva-madura na região da Serra Gaúcha, sendo elas *C. viniferum* (23 amostras), *C. fruticola* (21 amostras), *C. nymphaeae* (7 amostras), *C. kahawae* (8 amostras), *C. theobromicola* (1 amostra), *C. karsti* (2 amostras) e *C. lupini* (1 amostra). 3 espécies associadas a doenças causadas por *Colletotrichum* em outros frutos também foram classificadas, sendo elas: *C. horii* e *C. coccodes* em frutos de caqui e *C. fruticola* em maçãs. Os isolados pertencem a três diferentes clados: *acutatum*, *gloeosporioides* e *boninense* (Figura 1). *C. viniferum*, espécie prevalente na região da Serra Gaúcha, é frequentemente relatada em regiões de clima subtropical como Hunter Valley, Vale de Hastings e Kingaroy na Austrália (MELKSHAM; WECKERT; STEEL, 2002), sendo considerada a espécie mais virulenta e maior responsável pela podridão-da-uva-madura na China (YAN et al., 2014). Espécies como *C. nymphaeae*, *C. kahawae*, *C. fruticola* também foram relatadas por Piva (2017) na região Sul do Brasil.

### CONCLUSÃO

A Serra Gaúcha se destaca na variedade de espécies causadoras da podridão-da-uva-madura, possivelmente pelo clima favorável ao desenvolvimento do patógeno e por possuir maior área cultivada se comparado a outras regiões produtoras de uva com clima semelhante. A partir dos dados levantados e conhecendo melhor as características de cada espécie de *Colletotrichum* fazem-se possíveis futuros planejamentos de controle da doença e seu manejo adequado, para que os danos causados pela mesma sejam minimizados em longo prazo.

### REFERENCIAL BIBLIOGRÁFICO

- IBRAVIN; MAPA; SEAPI-RS. EVOLUÇÃO DA QUANTIDADE DE UVAS PROCESSADAS PELAS EMPRESAS DO RS (milhões de kg). 2018. Disponível em: <http://www.ibravin.org.br/admin/arquivos/estatisticas/1529409592.pdf>. Acesso em: 28 dez. 2018.
- IBRAVIN. Serra Gaúcha. 2018. Disponível em: <http://www.ibravin.org.br/RegioesProdutoras>. Acesso em: 03 jan. 2019.
- MELKSHAM, K. J.; WECKERT, M. A.; STEEL, C. C. DISEASE NOTES OR NEW RECORDS: An unusual bunch rot of grapes in sub-tropical regions of Australia caused by *Colletotrichum acutatum*. Australasian Plant Pathology, [s.l.], v. 31, n. 2, p.193-194, 2002. Springer Nature. <http://dx.doi.org/10.1071/ap02013>.
- PIVA, Claudia Aparecida Guginski. IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E MOLECULAR DE *Colletotrichum spp.* E *Pestalotiopsis spp.* EM VIDEIRA. 2017. 110 f. Tese (Doutorado) - Curso de Produção Vegetal, Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, 2017.
- YAN, Ji-ye et al. Diverse species of *Colletotrichum* associated with grapevine anthracnose in China. Fungal Diversity, [s.l.], v. 71, n. 1, p.233-246, 30 out. 2014. Springer Nature.