

INTRODUÇÃO

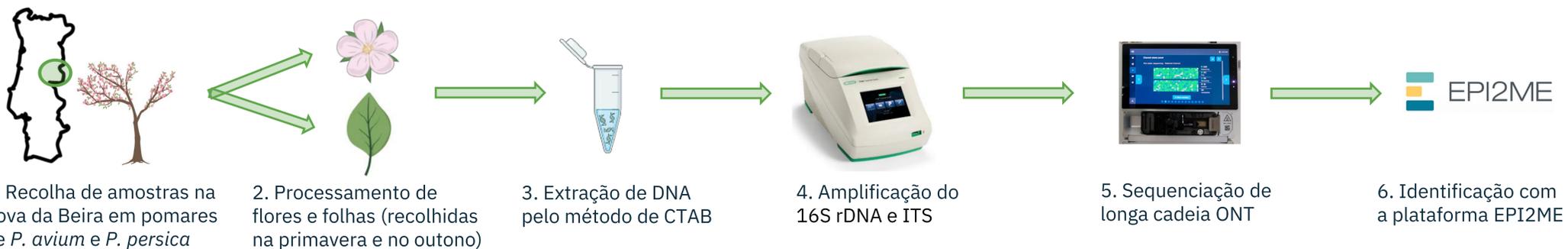
O impacto das doenças das plantas aumentou substancialmente nos últimos anos tornando-se, assim, cada vez maior a necessidade de abordagens inovadoras e céleres para o diagnóstico e modelação de doenças.

A região da Beira Interior é a maior produtora de *Prunus* sp., principalmente de cerejeira (*P. avium*) e pessegueiro (*P. persica*) e com a recente implementação de áreas consideráveis de amendoal (*P. dulcis*). A produção de Prunóideas é afetada pela ocorrência de doenças, sendo as mais devastadoras causadas pelas bactérias reguladas *Pseudomonas syringae*, *Xanthomonas arboricola* e *Xylella fastidiosa*.

OBJETIVOS

Neste âmbito pretende-se realizar estudos de epidemiologia molecular através da caracterização da microbiota de folhas e flores de *P. avium* e *P. persica* utilizando a plataforma de sequenciação de longa cadeia da Oxford Nanopore Technologies (ONT), identificando bactérias e fungos. Esta estratégia pretende detetar a introdução e o efeito dos agentes nocivos na estrutura e funções da microbiota, e também identificar grupos taxonómicos relevantes para a modulação da microbiota como parte de potenciais soluções de base biológica para o controlo de doenças.

MÉTODOS



RESULTADOS *preliminares*

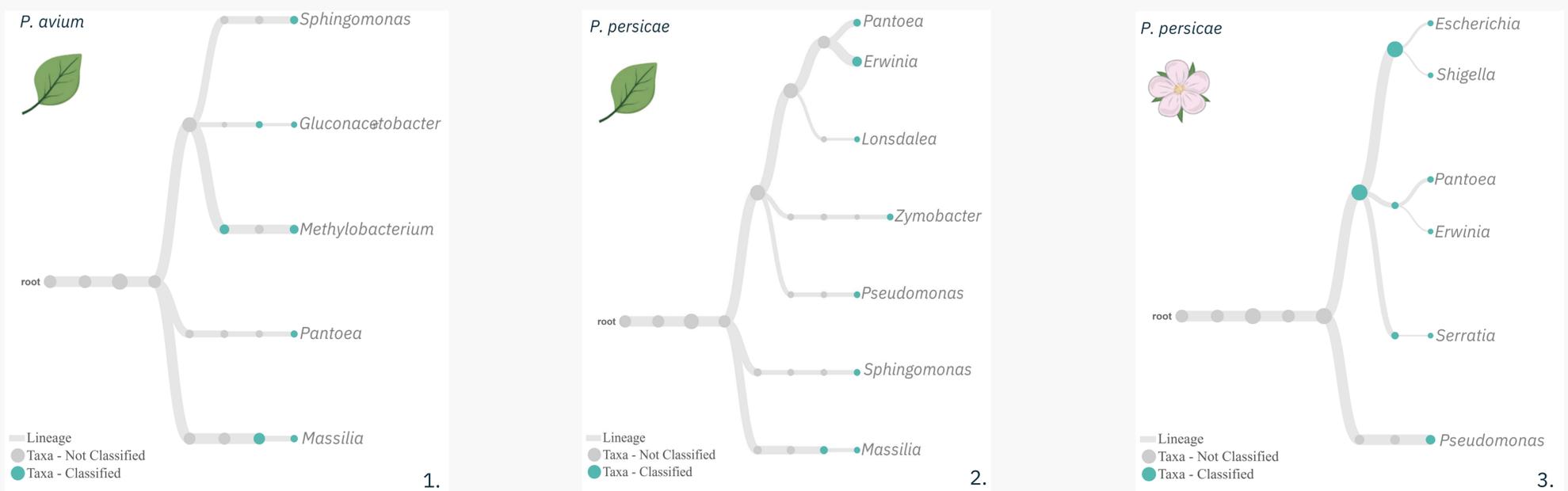


Figura 1. Identificação por sequenciação do 16S rDNA de amostras de folhas de *P. avium* (1) e *P. persica* (2) e de flores de *P. persica* (3) utilizando a plataforma EPI2ME.

CONCLUSÕES *preliminares*

- A técnica de sequenciação de cadeia longa ONT permitiu identificar grupos taxonómicos na microbiota de folhas e flores das espécies de *Prunus* sp. relevantes para o contexto da fitossanidade.
- Resultados preliminares antevêm que a estrutura da microbiota foliar varie entre as diferentes espécies de *Prunus* sp. analisadas, estando em curso a caracterização de um número alargado de amostras.
- Em *P. persica* foram identificados os géneros *Erwinia* sp. e *Pseudomonas* sp. na microbiota de flores e folhas, com potencial impacto para a epidemiologia e gestão das doenças.
- Foi possível identificar um microbioma comum a folhas e flores das espécies de *Prunus* sp. analisadas – *Massilia* sp., *Pantoea* sp. e *Sphingomonas* sp.
- A diversidade de fungos naturalmente presente pode influenciar a severidade e incidência das doenças pelo que o micobioma está a ser caracterizado através da sequenciação da região 18S-ITS1-5.8S-ITS2-28S por OTN.