**Estudos filogenéticos em isolados *Lasiodiplodia theobromae* encontrados em vinhedos gaúchos**

Alnilan Cristina Barros Lobato, Larissa Castro Ampese, Kelly Cordolino Adão, Danton Magri, Fabio Rossi Cavalcanti

As podridões do tronco da videira representam uma ameaça à vitivinicultura do Rio Grande do Sul, estado que detém mais da metade da produção de uvas no país. Essas doenças reduzem a produtividade e a qualidade das uvas, podendo levar a planta à morte. *Lasiodiplodia theobromae* (Lth) é um dos fungos associados à família Botryosphaeriaceae que causam as podridões descendentes na videira. O objetivo desse trabalho foi utilizar técnicas de PCR para uso na diagnose molecular e caracterização filogenética de três isolados de Lth de diferentes vinhedos do Rio Grande do Sul. A partir do cultivo puro em meio BDA, foi feito a transferência de um disco em meio líquido BD para produção de biomassa micelial. A partir do micélio fresco, foi feita a extração de DNA total para os trabalhos envolvendo a obtenção de produtos de PCR de regiões do genoma de espécies fúngicas para posterior sequenciamento. Os resultados obtidos foram sequências contendo entre 450-600 pares de base para a região do Espaçador Interno Transcrito, 18S e 5.8S (ITS1/2), 500 pares de base para a região de beta-tubulina (BTUB) e 900 pares de base para a região do fator de elongação (EF-1a). As sequências demonstraram similaridade às depositadas no GenBank (NCBI), em outras partes do mundo. Os filogramas com sequências das regiões ITS, BTUB e EF-1a foram reconstruídos por métodos Neighbor-Joining (NJ) e UPGMA. Foi utilizado o método de Máxima Parcimônia (MP) para os dados concatenados de ITS e BTUB. A filogenia de ITS e BTUB permitiu agrupar os isolados em populações diferentes com relação aos Lth do mundo todo, e o mesmo ocorreu com os dados concatenados de ITS e BTUB.