



Designação do projeto: BioFago LA 2.2 - Novas estratégias no controlo do fogo bacteriano

Código do projeto: PRR-C05-i03-I-000179-LA2.2

Objetivos operacionais: Reduzir a incidência de doenças das plantas e dos animais com impacto na saúde e bem-estar da população humana e no ambiente; reduzir a emergência à resistência a antimicrobianos.

Entidades beneficiárias:

UM - Universidade do Minho

INIAV - Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária I.P.

Asfertglobal Lda.

COTHN - Centro Operativo e Tecnológico Hortofrutícola Nacional

IPVC - Instituto Politécnico de Castelo Branco

FCUP – Faculdade de Ciências da Universidade do Porto

ANP - Associação Nacional de Produtores de Pera Rocha

Frutus – Estação Fruteira de Montejunto, CRL

Granfer – Produtores de Frutas, CRL

COOPVAL - Cooperativa Agrícola dos Fruticultores do Cadaval, CRL

Frutoeste - Cooperativa Agrícola de Hortofruticultores do Oeste, CRL

Cooperfrutas - Cooperativa de Produtores de Fruta e Produtos Hortícolas de Alcobaça, CRL

CAB - Cooperativa Agrícola do Bombarral

Data de início: 2023/01/01

Data de conclusão: 2025/09/30

Custo total elegível: 130.886,43 €

Custo total elegível INIAV: 35.574 €

Comparticipação Comunitária: 100%

Logotipo:



Objetivos, atividades e resultados esperados:

O presente projeto pretende avaliar a distribuição e diversidade genéticas do fogo bacteriano (*Erwinia amylovora*) em pomares de fruta potencialmente afetados pela doença, com particular foco na região do Oeste e nos pomares de pera Rocha. Portanto são tarefas específicas deste projeto:

- Definição de um plano de amostragem para avaliação da distribuição e impacto da doença;
- Amostragem de pomares, bem como o isolamento do agente de material biológico;
- Sequenciação do genoma de isolados de *E. amylovora* para avaliação da diversidade genética.

Portanto, deste projeto deverá resultar:

- Coleção de isolados de *E. amylovora* presentes nos pomares portugueses, bem como um mapa de distribuição e diversidade do agente;
- Base de dados genómicos, com sequencia do genoma de *E. amylovora* de pomares portugueses.