



MEMÓRIA

Análise da diversidade da população de *Mycosphaerella fijiensis* do Brasil por meio do polimorfismo entre microssatélites (AG)_n, (ACC)_n e (ATG)_n

Souza, RF^{1,4}; Miranda, EC^{1,4}; Gasparotto, L²; Hannada, RE³; Sousa, NR¹; Silva, GF¹

¹ Laboratório de Biologia Molecular - Embrapa Amazônia Ocidental - CPAA

² Laboratório de Fitopatologia - Embrapa Amazônia Ocidental - CPAA

³ Instituto de Pesquisa da Amazônia - INPA

⁴ Universidade do Estado do Amazonas - UEA

gilvan.silva@cpaa.embrapa.br

Palavras-chave: Sigatoka-negra, ISSR, diversidade, *Mycosphaerella fijiensis*, bananicultura.

A importância da cultura da bananeira deve-se à sua relevância tanto social quanto econômica para o país, visto que representa uma fonte de alimento para a população e de trabalho para pequenos e grandes produtores. O fungo *Mycosphaerella fijiensis* Morelet é o agente causal da Sigatoka-negra que atualmente é considerada como a principal doença limitante da produtividade da bananicultura no mundo. O objetivo do trabalho foi analisar a diversidade de isolados coletados em sete Estados do Brasil por meio do polimorfismo entre microssatélites dinucleotídeo (AG)_n e trinucleotídeos (ACC)_n e (ATG)_n. No total foram estudados 189 isolados dos Estados do Acre (AC), Amazonas (AM), Mato Grosso (MT), Para (PA), Roraima (RR), Rondônia (RD) e São Paulo (SP). Inicialmente foram utilizados três oligonucleotídeos UBC 807, 861 e 864. As reações de PCR foram realizadas segundo Pereira e colaboradores (2008) em volume total de 15 µL com 0,3 µM de *primer*, 50 ng de DNA, 2 mM de MgCl₂, 0,5 mM de dNTP e 1 U de *Taq* DNA-polimerase. As condições de amplificação foram: 94°C por 3 min, 40 ciclos a 94°C por 30 s, anelamento de acordo com cada *primer* por 1 min e 72°C por 2 min, extensão final a 72°C por 7 min. O número de bandas por repetição analisada variou de nove (9) a treze (13) com percentual de polimorfismo de 100%. A similaridade genética estimada pelo coeficiente de *Jaccard* variou de 0,35 a 1,00. Com base na análise do dendrograma os isolados foram estruturados em 10 grupos compostos por indivíduos de diferentes regiões sem nenhuma aparente correlação entre similaridade genética e Estados de coleta dos isolados. O polimorfismo foi capaz de diferenciar 89,4% dos isolados, apesar de ter sido considerado somente três diferentes oligonucleotídeos. Os resultados preliminares sugerem que o marcador ISSR poderá ser aplicado para detectar diferenças entre isolados brasileiros de *M. fijiensis*. Financiador: CNPq.

Apoio: Embrapa da Amazônia Ocidental - CPAA

