

VARIABILIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DE *Colletotrichum sublineolum* EM GENÓTIPOS DE SORGO, POR MEIO DE MARCADORES ISSR

Carla Lima Corrêa¹; Thallita Santos Guimarães^{1*}; Alex Júnior Sandol Floriano¹;
Jackson Lauro Borges Ribeiro¹; Nilo Leal Sander¹; Dagma Dionísia da Silva²;
Marco Antonio Aparecido Barelli⁵

¹Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso, *Campus* de Cáceres. ²Pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. *E-mail: thallita_guimaraes@hotmail.com

O *Colletotrichum sublineolum*, agente causal da antracnose, é um dos principais patógenos que afeta a cultura do sorgo no Brasil e no mundo, causando perdas em todas as fases de desenvolvimento da cultura. Devido à alta variabilidade apresentada pelo patógeno, nem sempre a resistência genética é durável, dificultando assim o controle da doença. Nos últimos anos, tem-se dado grande ênfase na busca de alternativas que permitam ampliar a durabilidade da resistência à antracnose. Deste modo, pesquisas para identificar a variabilidade genética de *C. sublineolum*, se fazem necessários. O presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a variabilidade genética de isolados de *C. sublineolum*, por meio de marcadores moleculares do tipo ISSR. A pesquisa foi conduzida no Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia, do Departamento de Agronomia, da UNEMAT/Cáceres-MT. Para a realização deste trabalho foram utilizados vinte e cinco isolados de *C. sublineolum*, provenientes de diferentes genótipos de sorgo. Após a extração de DNA dos isolados com Wizard® Genomic DNA Purification Kit (conforme a recomendação do fabricante), os mesmos foram comparados geneticamente entre si com auxílio de doze *primers* ISSR, e, as bandas geradas foram comparadas por meio do registro da presença e da ausência de bandas no perfil eletroforético de cada isolado. Através da matriz gerada pelo do coeficiente de Jaccard, foi produzido um dendrograma (UPGMA), por meio do programa GENES. De acordo com os resultados, é possível afirmar que há variabilidade genética entre os isolados em estudo. Foi possível observar a formação de quatro grupos, onde o grupo I foi formado por três isolados, sendo eles: 03, 13 e 04, o grupo II foi formado pela maioria dos isolados em estudo, sendo estes os mais similares geneticamente em relação aos demais (01, 02, 05, 06, 07, 08, 09, 10, 12, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22 e 25), o grupo III foi formado pelos isolados 11 e 23 e o grupo IV formado pelo isolado 24, sendo este o isolado mais divergente geneticamente dos demais em estudo.

Palavras-chave: dissimilaridade genética; marcadores moleculares; antracnose.

Agradecimentos: Embrapa Milho e Sorgo, CNPq, FAPEMAT.