Diversidade genética da população do fungo *Lasiodiplodia* theobromae associada a espécies e híbridos de citros

Liliam Rosane de Santana¹; Hermes Peixoto Santos Filho²; Cristiane de Jesus Barbosa² Saulo Alves Santos de Oliveira²

¹Estudante de Licenciatura em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: liliamrosane@hotmail.com, hermes.santos@embrapa.br, cristiane.barbosa@embrapa.br, saulo.oliveira@embrapa.br

Recentemente constatou-se que o fungo Lasiodiplodia theobromae é o agente causal da doença denominada Descamamento Eruptivo dos Citros, (DEC), até então considerada como uma disfunção cítrica de causa desconhecida. O objetivo do presente trabalho é estudar a região do Espaço Interno Transcrito (ITS) e analisar as diferenças no polimorfismo da sequência dessa região da população Lasiodiplodia theobromae, para caracterizar grupos de isolados que permitam relacioná-los com a origem e a diversidade de sintomas. Esta população de 50 isolados foi obtida de laranjeiras doces (10), tangerineiras (5), pomeleiros (10) e híbridos (25), com diferentes sintomatologias, através de cultivos monospóricos. A extração de DNA está sendo realizada pelo método CTAB, modificado, com presença de fenol, devido o patógeno ser melanizado. Para estudar a região do Espaço Interno Transcrito (ITS) e analisar as diferenças no polimorfismo da sequência dessa região nos isolados, estão sendo realizadas reações de PCR com os oligonucleotídeos iniciadores universais ITS1 e ITS4. Cujo produto amplificado será purificado e sequenciado, com posterior estudo filogenético. Até o momento já foram extraído o DNA de 42 isolados e amplificado 21. A região do ITS dos materiais amplificados, mostrou uma banda simples de aproximadamente 550 pares de base.

Palavras-chave: Descamamento Eruptivo; PCR; fungo melanizado