

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE *COLLETOTRICHUM GRAMINICOLA* ATRAVÉS DE MARCADORES GERADOS POR RAPD E RFLP

VALÉRIO, H.M.¹, RESENDE, M.A.¹, CASELA, C.R.², WEIKERT DE OLIVEIRA, R.C.B.¹, CALIGIORNE, R.B.¹

Antracnose do sorgo, causada por *Colletotrichum graminicola* tem sido descrita como uma das doenças que reduzem significativamente a produção de grãos. A variabilidade genética dos dos patógenos aumenta a dificuldade para obtenção de plantas resistentes. RAPD e RFLP-PCR foram utilizadas para caracterizar a variabilidade. Trinta e sete isolados, oriundos de 4 regiões distintas do Brasil foram obtidos. Para caracterizar as raças de virulência dos patógenos, foram utilizadas 10 cultivares diferenciadoras, frente às quais os patógenos foram desafiados. Para obtenção dos perfis de RAPD foram utilizados 15 primers e 11 endonucleases de restrição sobre os rDNAs 18s, amplificados pela PCR. O perfil gerado pelo RAPD demonstra a existência de pequenas diferenças entre as populações, portanto indicando que alguns grupos dos isolados têm peculiaridades que podem correlacionadas com suas origens geográficas. Os perfis obtidos através de RFLP-PCR foram, essencialmente, idênticos para todas as enzimas, mesmo se considerando uma região do genoma variável, o que indica uma alta conservação dos sítios de restrição na região 18s nestes isolados. Não foi possível demonstrar com segurança se há correlação entre os fenótipos de virulência observados e os perfis obtidos para cada uma das técnicas, mas especialmente nos padrões gerados por RAPD.

Palavras chave: Antracnose, variabilidade, RAPD, virulência e raças

¹Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG. e-mail: hmvaler@mono.icb.ufmg.br

²Embrapa Milho e Sorgo, Cpostal 151. 35701-970 Sete Lagoas, MG.