

CBRG Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

Bancos de Germoplasma:
descobrir a riqueza,
garantir o futuro.

08 a 11 de Junho de 2010
Bahia Othon Palace Hotel
SALVADOR - BAHIA



ISSN 0102-0110
Junho, 2010

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

DOCUMENTOS 304

**CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS
GENÉTICOS
8 a 12 de Junho de 2010
Bahia Othon Palace Hotel**

*Clara Oliveira Goedert
Editora Técnica*

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
Brasília, DF
2010

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Endereço: Parque Estação Biológica - PqEB - Av. W5 Norte (final)
Caixa Postal: 02372 - Brasília, DF - Brasil – CEP: 70770-917
Fone: (61) 3448-4700
Fax: (61) 3340-3624
Home Page: <http://www.cenargen.embrapa.br>
E-mail (sac): sac@cenargen.embrapa.br

Comitê de Publicações Local

Presidente: *Lucio Brunale*
Secretária-Executiva: *Ligia Sardinha Fortes*
Membros: *Diva Maria de Alencar Dusi*
Jonny Everson Scherwinski Pereira
José Roberto de Alencar Moreira
Regina Maria Dechechi G. Carneiro
Samuel Rezende Paiva
Suplentes: *João Batista Tavares da Silva*
Margot Alves Nunes Dode
Co-editores: *Roberto Lisboa Romão*
Manoel Abilio de Queiróz
Jose Geraldo de Aquino Asssis
Maria do Socorro Maués Albuquerque
Lara Durães Sette

Editoração eletrônica: GT5
Fotos da capa: Da Vinci Computação Gráfica

1ª edição

Todos os direitos reservados.

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei n 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

C 749 Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos (2010 : Salvador, BA)
Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 08 a 11 de junho de 2010, Salvador, BA / Organização de Clara Oliveira
Goedert. – Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010.
1 CD-ROM – (Documentos / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 0102 – 0110; 304).

1. Recursos genéticos. 2. Congresso. I. Goedert, Clara. II. Série.

581.15 – CDD 21.

© Embrapa 2010



MICROORGANISMOS

DESENVOLVIMENTO DE IRAP (INTER-RETROTRANSPON AMPLIFIED POLYMORPHISM) PARA *Mycosphaerella fijiensis*

Casley Borges de Queiroz¹; Luadir Gasparotto¹; Nelcimar R. Sousa¹; Gilvan Ferreira da Silva¹.

¹Embrapa Embrapa Amazônia Ocidental/CPAA - casley_queiroz@hotmail.com;
gilvan.silva@cpaa.embrapa.br; nelcimar.sousa@cpaa.embrapa.br

Palavras-chave: sigatoka-negra, retrotransposon, marcador molecular, IRAP, diversidade.

A sigatoka-negra, causada pelo fungo *Mycosphaerella fijiensis*, é atualmente considerada como uma das mais graves doenças da bananeira no mundo, devido a sua alta agressividade. O ataque resulta em perdas de até 100% da produção em cultivares altamente suscetivas. Em virtude da ausência de dados sobre a diversidade genética da população de *M. fijiensis* do Brasil o uso de marcadores disponíveis na literatura e o desenvolvimento de novos marcadores se fazem necessário à análise da diversidade e detecção do patógeno. Os marcadores baseados em retrotransposons apresentam alto grau de polimorfismo devido a sua abundância nos genomas e a sua habilidade de criar novas cópias. IRAP (*Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism*) tem se destacado por sua simplicidade na aplicação e baixo custo. O presente trabalho teve como objetivo localizar regiões de LTR no genoma de *M. fijiensis* e padronizar a técnica de IRAP para este fitopatógeno. Foram localizadas no banco de dados do genoma de *M. fijiensis* 89 sequências que codificam proteínas com homologia a elementos transponíveis e em duas destas foi possível identificar as sequências correspondente aos LTRs, os quais foram utilizados para desenvolver os *primers* (LTR Mf F GCGCTTAGCGTTAGGCTAACT) e (Mf R CGTGTAGCCTCTTTGGCCCTA). Para estabelecer a melhor condição da PCR foram analisadas concentração de DNA (25 a 100ng), *primer* (0,3 a 0,7 μ M) e MgCl₂ (1,5 a 3,0 mM). Os resultados mostraram que a melhor condição para IRAP é: 2,5 mM de MgCl₂ e 0,5 μ M de *primer* e 25ng de DNA. Análise de polimorfismo usando 10 isolados mostrou que IRAP é uma boa técnica pra analisar diversidade genética da população de *M. fijiensis*.

Fonte financiadora: CNPq