



## MELHORAMENTO GENÉTICO

799

**Comparação entre marcadores moleculares no estudo da variabilidade de *Magnaporthe oryzae*.**  
(*Magnaporthe oryzae* variability targget by two diferent molecular markers).

**Gonçalves, FJ<sup>1</sup>; Magalhães, MS<sup>2</sup>; Silva-Lobo, VL<sup>3</sup>, Prabhu, AS<sup>3</sup>, Filippi, MC<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>UFG, <sup>2</sup>UniAnhanguera, <sup>3</sup>Embrapa Arroz e Feijão. E-mail: biofabio\_botanico@yahoo.com.br

*Magnaporthe oryzae* é considerado um organismo modelo para estudos de interação patógeno/hospedeiro e variabilidade. Isolamentos monospóricos de *M. oryzae*, fungo causador da brusone, obtidos de regiões produtoras de arroz no Brasil, tem sido utilizados para determinação dos patótipos mais frequentes e para estudos de populações, utilizando-se marcadores moleculares. Com o objetivo de comparar o perfil da amplificação de DNA de isolados recém estabelecidos de *M. oryzae*, o micélio dos dois isolados (365 L1 4.1 e Py 365 L1 4.2) foram crescidos em meio líquido, secados, liofilizados e macerados para extração de DNA. Ambos os DNAs foram amplificados por rep PCR, utilizando os primers *Pot 2.1* e *Pot 2.2*, e por PCR utilizando-se 18 marcadores moleculares microssatélites. O produto da reação rep PCR foi submetida a eletroforese em gel de agarose a 0,5 %, o padrão eletroforético foi transformado em matriz numérica e determinado o coeficiente de similaridade. O produto da reação PCR foi submetida a eletroforese em gel de acrilamida a 6%. Os isolados Py 365 L1 4.1 e Py 365 L1 4.2 apresentam padrões fenotípicos de virulência distintos, classificando-se nos patótipos IB e IG, porém demonstram padrão de amplificação, apresentando 100% de similaridade, conforme o coeficiente de similaridade de Jaccard. Os marcadores microssatélites foram capazes de identificar diferenças entre os isolados Py 365 L1 4.1 e Py 365 L1 4.2.

Hospedeiro: *Oryza satyva*, arroz

Patógeno: *Magnaporthe oryzae*

Doença: “brusone”

Área: Melhoramento Genético