

## Caracterização de isolados de *Mycosphaerella fijiensis* de diferentes regiões do Brasil por meio de VNTR

Paixão, RDV<sup>1</sup>; Gasparotto, L<sup>2</sup>; Hannada, RE<sup>3</sup>; Sousa, NR<sup>1</sup>; Silva, GF<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Biologia Molecular - Embrapa Amazônia Ocidental - CPAA

<sup>2</sup> Laboratório de Fitopatologia - Embrapa Amazônia Ocidental- CPAA

<sup>3</sup> Instituto de Pesquisa da Amazônia - INPA  
gilvan.silva@cpaa.embrapa.br

**Palavras-chave:** Sigatoka-negra, VNTR, diversidade, *Mycosphaerella fijiensis*, minisatélites.

A sigatoka-negra da bananeira (*Musa spp.*) é causada pelo fungo *Mycosphaerella fijiensis* Morelet, que destrói a área foliar inibindo a capacidade fotossintética da planta, acarretando em baixa produção de frutos, tornando-se assim a mais importante doença da banana no mundo. Para auxiliar na seleção de plantas resistentes é de fundamental importância o conhecimento da diversidade do patógeno, que por sua vez podem ser avaliados com o auxílio de marcadores moleculares. Marcadores baseados em locos hipervariáveis de minisatélites ou *Variable Number of Tandem Repeat* (VNTR) possui um caráter altamente polimórfico e tem sido amplamente empregado no melhoramento de plantas e análises de diversidade de microrganismos. Deste modo o objetivo deste estudo foi caracterizar indivíduos de *M. fijiensis* de diferentes regiões do Brasil utilizando o marcador VNTR. Foram analisados 184 isolados de sete estados (AM, SP, MT, PA, RR, RO, AC) por meio de seis locis de VNTR desenvolvidos para *M. fijiensis*: 3959, 3831-2, 3786, 1333, 0705, 0252. Cada reação de PCR foi realizada em volume final de 20µL, contendo 50ng de DNA genômico, 5 µM de cada *primer*, tampão 1X, 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,2 mM de dNTP e 0,2 U de Taq Polymerase. As reações foram realizadas utilizando o seguinte programa: Desnaturação inicial de 94°C por 1 min, 30 ciclos de 94°C por 30 s, 65°C por 30 s, 72°C por 30 s, seguidos de um alongamento final de 10 min a 72°C e os produtos da PCR foram separados por eletroforese em gel de agarose 1,5%. Foi obtido um total de 16 alelos com padrões de bandas que variavam de 100 a 500 pares de base. Os minissatélites 1333, 3786, 3831-2 e 3959 apresentaram 3, 4, 4 e 3 alelos respectivamente. Entretanto os loci 0252 e 0705 não apresentaram polimorfismo na população em estudo. Os valores da similaridade genética estimados pelo coeficiente de Jaccard variaram de 0,36 a 1. O dendrograma obtido pelo método UPGMA distribuiu os isolados em cinco grupos sem discriminação por região. Baseados nestes dados, não existem padrões óbvios da distribuição geográfica dos isolados, assim como o alto nível de similaridade entre os isolados de diferentes Estados do país corrobora a hipótese de sua disseminação partir da região norte do Brasil. Fonte Financiadora: EMBRAPA e CNPq