

113-3 **Diversidade genética e estrutura populacional de *Hemileia vastatrix***
(Genetic diversity and population structure of *Hemileia vastatrix*.)

Autores: **CABRAL, P. G. C.** - pat.pattygoncalves@gmail.com (UFV - Universidade Federal de Viçosa) ; **ZAMBOLIM, E. M.** (UFV - Universidade Federal de Viçosa) ; **CAIXETA, E. T.** (CBP&D/CAFÉ - Embrapa Café / UFV - Universidade Federal de Viçosa) ; **LELIS, D. T.** (CBP&D/CAFÉ - Embrapa Café) ; **OLIVEIRA, S. A. S. D.** (CNPMPF - Embrapa mandioca e fruticultura) ; **ZAMBOLIM, L.** (UFV - Universidade Federal de Viçosa)

Resumo

O estudo da estrutura genética da população de *Hemileia vastatrix* é de extrema importância para os programas de melhoramento do cafeeiro. Com o objetivo de verificar a influência do hospedeiro e da origem geográfica na diversidade e estrutura genética da população do patógeno, 115 isolados monopustulares de *H. vastatrix*, provenientes de *Coffea arabica*, *C. canephora*, derivados de Híbrido de Timor e Icatú (HDTI), coletados nos cinco principais Estados produtores de café do Brasil, foram analisados utilizando sete combinações de oligonucleotídeos AFLP. A população do fungo apresentou baixo nível de diversidade genotípica. A diversidade gênica (h) foi de 0,027 e a hipótese de acasalamento ao acaso foi rejeitada na população total. Não houve correlação entre distância geográfica e similaridade genética ($r = -0,024$, $P = 0,74$), indicando a ocorrência de dispersão dos uredíniosporos a longas distâncias. Embora a similaridade genética tenha sido superior a 90% não ocorreu agrupamento entre os isolados da mesma origem geográfica e hospedeiro. A AMOVA revelou que 90% da distribuição genética do patógeno ocorre entre os isolados dentro da subpopulação. O baixo grau de diferenciação nas populações de *H. vastatrix* é consistente com o fato de o inóculo ser facilmente disperso pelo vento a longas distâncias permitindo a dispersão do patógeno entre áreas de cultivo do cafeeiro.

Apoio: CNPq e CBP&D/Café