

CBRG Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

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

08 e 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 Abílio de Queiróz

Jose Geraldo de Aquino Assis

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

TRIAGEM DE INICIADORES ISSR PARA O DESENVOLVIMENTO DE REMAP (RETROTRANSPONON-MICROSATELLITE AMPLIFIED POLYMORPHISM) EM *Mycosphaerella fijiensis*

Rômulo Veiga Paixão, Casley Borges de Queiroz, Luadir Gasparotto, Nelcimar Reis de
Sousa; Gilvan Ferreira da Silva.

e-mail: gilvan.silva@cpaa.embrapa.br

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

A sigatoka-negra, causada pelo fitopatógeno *Mycosphaerella fijiensis*, é considerada uma das mais graves doenças da bananeira (*Musa spp.*) na maioria das regiões produtoras de bananas no mundo. Os sintomas dessa doença caracterizam-se principalmente por despigmentações na face inferior da folha, que ocasionam a perda da área fotossintética resultando na produção de frutos pouco desenvolvidos e impróprios à comercialização. A forma mais econômica e ambientalmente correta de combater a doença é o melhoramento visando à resistência, que por sua vez pode ser auxiliado pelo estudo da diversidade do patógeno por meio de marcadores moleculares. O marcador REMAP (*Retrotransposon-microsatellite amplified polymorphism*) é baseado na amplificação entre retrotransposons e microssatélites e apresenta alto grau de polimorfismo devido à grande abundância destes elementos transponíveis nos genomas bem como a sua habilidade de criar novas cópias. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi realizar triagem de iniciadores ISSR para desenvolver a técnica de REMAP para *M. fijiensis*. Foram analisados 50 diferentes *primers* de ISSR em combinação com os dois iniciadores baseados nas regiões LTRs de retrotransposons de *M. fijiensis* LTR Mf F (GCGCTTAGCGTTAGGCTAACT) e Mf R (CGTGTAGCCTCTTTGGCCCTA). Dentre todas as combinações testadas, onze (11) ISSRs geraram bandas provenientes da interação entre retrotransposons e microssatélites. O número de bandas REMAP por *primer* analisado variou de 1 a 5, somando um total de 27. As seqüências de ISSR (ACC)_n, (AG)₈YC, e (AG)₈C foram as que geraram o maior número de bandas REMAP.

Fonte Financiadora: EMBRAPA e CNPq