

BIOTECNOLOGIA

643

Inter-retrotransposon amplified polymorphism (IRAP) NA análise da variabilidade genética de *Colletotrichum guaranicola*, agente causal da antracnose no guaranazeiro.

*(Inter-retrotransposon amplified polymorphism (IRAP) in genetic variability analysis of *Colletotrichum guaranicola*, causal agent of anthracnose in guaranazeiro (*Paullinia cupana* var. *sorbilis*).*

Nogueira, V.B.¹; Assis, L. A. G.²; Hanada, R.E.³; Sousa, N.R.⁴; Silva, G.F.⁴

¹Discente em Biotecnologia; ² Técnico, Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia, ³Pesquisador, Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia, ⁴Pesquisador, Embrapa Amazônia Ocidental. E-mail: vivianynogueira@hotmail.com.

O Brasil é o único produtor, em termos comerciais, de guaraná do mundo. Sua produção vem sendo prejudicada principalmente devido à antracnose, doença mais importante em culturas de guanazeiros (*Paullinia cupana* var. *sorbilis*), causada pelo fungo *Colletotrichum guaranicola*. O trabalho objetivou analisar a diversidade genética entre os isolados de *C. guaranicola*, coletados no estado do Amazonas nos municípios de Presidente Figueiredo, Maués, Boa Vista do Ramos, Manacapuru e Itacoatiara. Por meio do marcador IRAP, foram analisados 36 isolados obtidos a partir da lesão foliar. Para isso, foram utilizados *primers* denominados de CLIRAP1 (5' CGTACGGAACACGCTACAGA 3') e CLIRAP4 (5'CTTTTGACGAGGCCATGC 3'). A reação de PCR apresentou: 1X Taq buffer, contendo: 1X Taq buffer, com 20 mM de Tris-HCl (pH8,0), 1mM DTT, 0,1mM EDTA, 100mM de KCl, 0,5% (v/v) Nonidel P40, 0,5% (v/v) Tween 20 e 50% (v/v) de glicerol; MgCl₂ a 2 mM; dNTP a 0,4 mM; 0,2 µmol/L de cada *primer*; 50ng de DNA e 1U de Taq DNA polymerase (Fermentas EP0402). Os parâmetros de amplificação foram 94°C por 3 min, 6 ciclos de 94°C por 30s, 50°C por 30s e 68°C por 2min. Seguido de 24 ciclos de 94°C por 30s, 50°C por 30s e 68°C por 2min e 30s e extensão final de 10min a 68°C. A similaridade genética, estimada pelo coeficiente de Jaccard, gerada com base nos dados de presença ou ausência de fragmentos de DNA amplificados, variou de 0,3 a 1,0, sendo capaz de diferenciar 66,6% da população. O dendrograma obtido a partir dos 18 bandas polimórficas permitiu a formação de 3 grupos principais, e dentro de um destes grupos há presença de 4 subgrupos. Não houve correlação de agrupamento com o município de coleta.

Apoio: CNPq