

## Diversidade genética e estrutura da população de *Mycosphaerella fijiensis* no Brasil

Átila Sousa<sup>1</sup>; Casley Borges de Queiroz<sup>1</sup>; Gilvana Fegueira Gualberto<sup>1</sup>; Luadir Gasparotto<sup>2</sup>; Nelcimar Reis Sousa<sup>2</sup>; Patricia da Costa Gomes<sup>1</sup>; Rodrigo Fernandes de Souza<sup>1</sup>; Rogério E. Hanada<sup>3</sup>; Ramon Veiga Paixão<sup>1</sup>; Rômulo Veiga Paixão<sup>1</sup>; Gilvan Ferreira da Silva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Bolsista CNPq; <sup>2</sup>Pesquisador Embrapa Amazônia Ocidental; <sup>3</sup>Pesquisador, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia – INPA. E-mail: [gilvan.silva@cpaa.embrapa.br](mailto:gilvan.silva@cpaa.embrapa.br).

A importância da cultura da bananeira no Brasil deve-se à sua relevância tanto social quanto econômica, visto que representa uma fonte de alimento para a população de baixa renda e de trabalho para pequenos e médios produtores. A sigatoka-negra causada pelo fungo *Mycosphaerella fijiensis* é considerada uma das principais doenças limitante da produtividade da bananicultura no mundo.

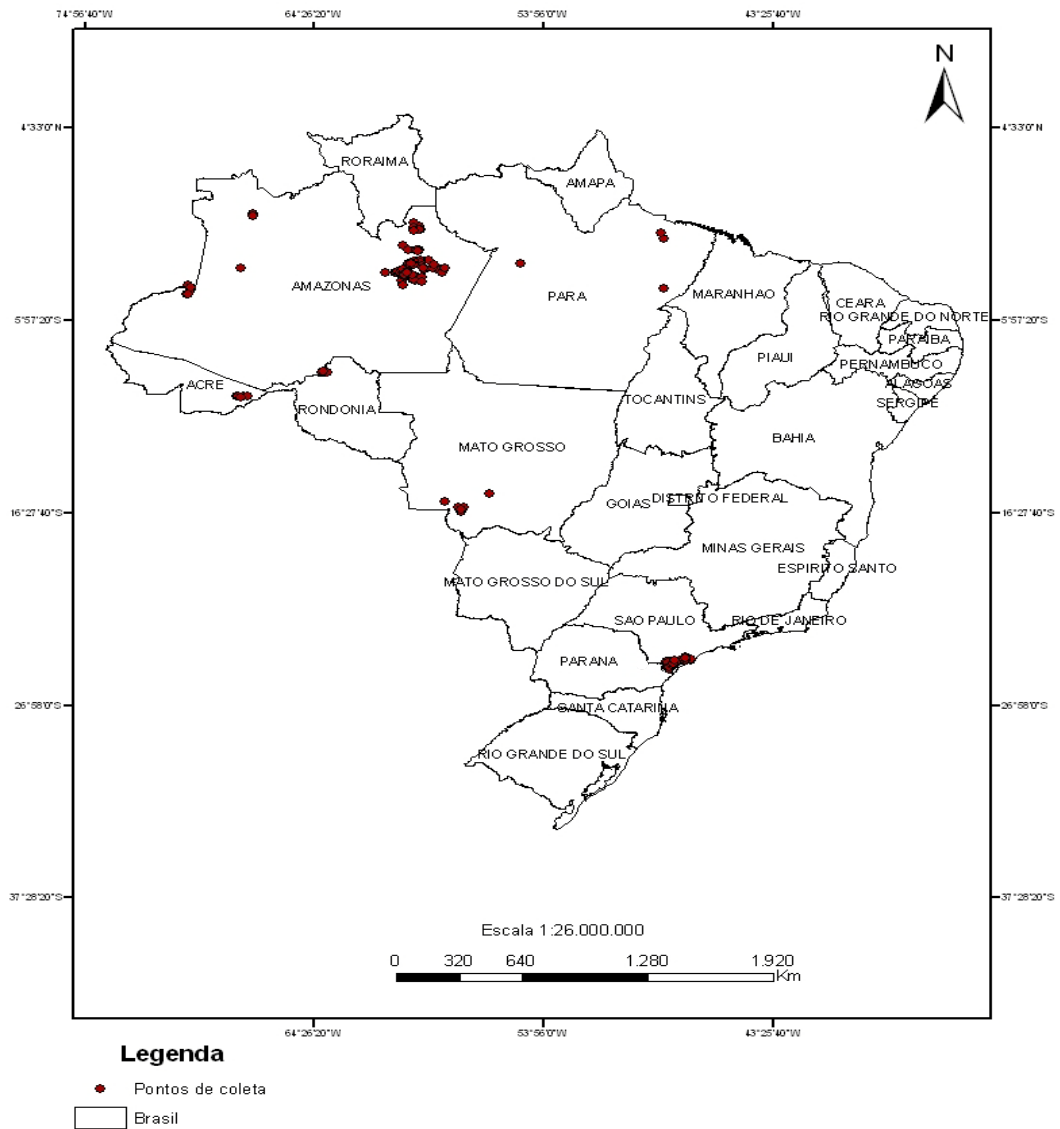
No Brasil *M. fijiensis* foi detectado inicialmente no Amazonas em 1998, no município de Tabatinga, fronteira do Brasil com a Colômbia e o Peru. Desde então o fungo se alastrou rapidamente em todos os municípios do Estado e tem se expandido rapidamente pelo País (Gasparotto et al. 2006). De modo geral os esporos são disseminados a longas distâncias pelo vento, embalagens usadas no transporte de bananas, pelo caminhão transportador, pela água, por mudas infectadas e até por pessoas que tenham contato direto com o cultivo de banana. A alta capacidade de expansão da doença fez com que o patógeno se tornasse uma prioridade de pesquisa no país.

O estudo da diversidade, juntamente com a busca de estratégias para o controle da doença, principalmente por meio de melhoramento visando resistência é a forma mais econômica e ambientalmente correta. A análise molecular da diversidade do fungo é crucial para a determinação da estrutura genética da população brasileira. E conseqüentemente direcionar as estratégias de melhoramento e até mesmo no manejo de fungicida em agroecossistemas (McDonalds & Linde, 2002).

O presente estudo teve como objetivo analisar a diversidade e a estrutura genética da população de *M. fijiensis* no Brasil meio de quatro diferentes marcadores moleculares (SSR, ISSR, VNTR e ERIC-PCR). Foram avaliados 188 isolados oriundos dos estados do Acre, Amazonas, Mato Grosso, Pará, Roraima, Rondônia e São Paulo (**Figura 1**).

A análise da diversidade e estrutura genética foi realizada a partir dos dados gerados por 33 alelos obtidos com 14 loci de SSR, 15 alelos gerados por seis loci de VNTR, nove loci de ERIC-PCR (77,78 % polimórficos) e por meio de 120 bandas (86,67 % polimórficas) geradas com o marcador ISSR utilizando os dinucleotídeos (AG)<sub>8</sub>T, (AG)<sub>8</sub>YT, (AG)<sub>8</sub>YA, (GA)<sub>8</sub>YC, (AC)<sub>8</sub>YA, (AG)<sub>7</sub>HBH, (AC)<sub>7</sub>DBD, (GA)<sub>7</sub>HBH e trinucleotídeos (ACC)<sub>6</sub> e (ATG)<sub>6</sub>.

O índice de similaridade genética estimada pelo coeficiente de *Jaccard* variou de acordo com o marcador analisado, o marcador ERIC-PCR apresentou o menor poder de discriminação e ISSR o maior, sendo capaz de diferenciar 97,87 % dos isolados.



**Figura1.** Mapa da distribuição de locais de coleta de isolados em diferentes regiões e estados no Brasil.

A pesar da recente introdução *M. fijiensis* no Brasil, os resultados com todos os marcadores indicam a estruturação de *M. fijiensis* no Brasil em três subpopulações com até 73% de diversidade intra-populacional. Este é o primeiro estudo da diversidade e estrutura da população do agente causal da sigatoka-negra no Brasil e os resultados obtidos serão fundamentais para orientar os programas de controle e melhoramento visando resistência a doença.

Órgãos financiadores: CNPq e FAPAM



## **Referências**

GASPAROTTO L., PEREIRA J.C.R., HANADA R.E., MONTORROYOS A. V. V. Sigatoka-negra da bananeira. Manaus, 177p. 2006.

MCDONALD B. A., LINDE C. Pathogen population genetics, Evolutionary Potential, and durable resistance, *Ann. Rev.* 40:349-79. 2002