



CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ISOLADOS DE *Amphobotrys ricini*, DA MAMONEIRA NO BRASIL.

Haroldo Antunes Chagas.¹; Ana Carolina Firmino.¹; Renato Borell Silva.¹; Edson Luis Furtado.¹; Maurício Dutra Zanotto.¹

¹ Depto. Produção Vegetal - FCA/UNESP, Botucatu, SP.

RESUMO - A mamoneira é uma cultura em expansão no Brasil com grande potencial nas industriais de biodiesel, lubrificantes, plásticos, fibras sintéticas, resinas e outros, devido a sua larga aplicabilidade. Apesar da rusticidade e adaptabilidade em diferentes ambientes, a mamoneira é suscetível a diferentes fitopatógenos, dentre os quais se destaca o fungo *Amphobotrys ricini*, agente causal da principal doença conhecida como mofo cinzento. Esta doença pode causar perdas de até 100% com as condições do ambiente favorável para o ataque do fungo. O patógeno é ainda pouco estudado, quanto à sua diversidade genética, em diferentes Estados produtores de mamona no Brasil. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a variabilidade genética de isolados de *A. ricini* coletados em diferentes áreas de cultivo de mamona no Brasil, a fim de, levantar informações para trabalhos de melhoramento, visando resistência ao patógeno. Foram avaliados treze isolados de *A. ricini* de quatro Estados diferentes do Brasil (São Paulo, Minas Gerais, Mato Grosso e Paraíba) e dois isolados de *Botrytis cinerea* (São Paulo) que foram utilizados como "outgroup". Os isolados de *A. ricini* e *B. cinerea* foram cultivados em meio de cultura BDA (Batata dextrose agar) durante cinco dias, a 25°C e fotoperíodo 12h/12h. A extração de DNA dos 15 isolados foi realizada conforme o método desenvolvido por Murray e Thompson (1980) modificado. A reação de PCR foi feita utilizando os pares de primers ITS 1 (5' TCC GTA GGT GAA CCT GCG G 3') e ITS 4 (5' TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC 3). O regime de programa utilizado no termociclador (TC- 3000) foi: 94°C por 2 min, 35 ciclos de 94°C por 35 seg, 52°C por 1 min, 72°C por 1 min, finalizando-se o processo com 72°C por 15 min. Os fragmentos de DNA amplificados foram visualizados em gel de agarose corado com Brometo de etídio e observados sob luz UV. O DNA dos isolados obtidos foi sequenciado no Centro de Genoma Humano da USP e as sequências obtidas foram editadas através do software BioEdit Sequence Alignment Editor (1997-2005). Após edição, estas sequências foram utilizadas para procurar sequências similares usando o software Blastn do NCBI (National Center for Biotechnology Information). As sequências obtidas foram alinhadas e processadas com o programa Mega 5.05 para que fosse construída a árvore filogenética dos isolados de *A. ricini* e *B. cinerea*, pelo método de Neighbor-Joining. Os resultados demonstraram uma relação filogenética distante dos isolados de *A. ricini* do Brasil com o isolado representativo de *A. ricini* da China (n° 327422168). Os isolados de *A. ricini* do Brasil apresentaram grandes proximidades filogenéticas entre si, mas também pequenas diferenças entre os grupos formados por Estado. Os resultados evidenciam baixa variabilidade genética de *A. ricini* no Brasil.

Palavras-chave *Ricinus communis* L., mofo cinzento, Região ITS 5.8.

Apoio: CAPES.