

Caracterização de isolados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cupense* por marcadores SSR e compatibilidade vegetativa

Daniela Carvalho Velame¹; Shirley Nascimento Costa²; Edson Perito Amorim³; Francisco Ferraz Laranjeira³; Saulo Alves Santos de Oliveira³; Fernando Haddad³

¹Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, bolsista IC-Fapesb; ²Estudante de Pós Graduação da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, ³Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: danivelame@yahoo.com.br, shirleykosta@bol.com.br, edson@cnpmf.embrapa.br, chico@cnpmf.embrapa.br, saulo@cnpmf.embrapa.br, fernando@cnpmf.embrapa.br

O mal-do-Panamá, causado pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cupense* (*Foc*), é uma das doenças mais destrutivas da bananeira. A medida de controle mais efetiva é o uso de variedades resistentes. O surgimento de novas raças é preocupação constante e fator desafiador para os programas de melhoramento visando resistência à doença. Conhecer e monitorar a estrutura populacional de *Foc* nas regiões produtoras de banana é fundamental para o delineamento de estratégias de controle do mal-do-Panamá. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi caracterizar populações de *Foc* no Estado da Bahia. O estudo foi desenvolvido nos laboratórios de Biologia Molecular e Fitopatologia da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Foi estabelecida uma coleção com 120 isolados de *Foc* oriundos de diferentes regiões produtoras do Brasil, dos quais, 15 isolados foram caracterizados com auxílio de cinco primers SSR, e 49 isolados de *Foc* das regiões Sul, Sudeste e Nordeste, que foram utilizados para as análises de grupos de compatibilidade vegetativa (VCG's). Os isolados foram agrupados pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), com base na distância genética de Nei dos marcadores SSR, no qual foi observada a formação de três grupos distintos. O primeiro grupo foi constituído por nove indivíduos, o segundo composto por cinco isolados e o terceiro grupo continha apenas um isolado (*Foc* 2010.05- Corupá- SC). Com base na análise de variância molecular (AMOVA), observou-se que 89,2% da variação genética de *Foc* estão associadas a diferenças na frequência dos alelos nos locais de coleta. Para as análises VCG's dos isolados utilizados, até o presente momento, a obtenção de mutantes só foi possível para 15, sendo oito mutantes do tipo *nitM*, seis mutantes do tipo *nit1*, vinte e seis do tipo *nit3*, num total de 57 mutantes. Foi selecionado um representante dentro de cada isolado (*nit1* ou *nit3*), para o pareamento com os mutantes *nitM*, que serviram como os testadores para a compatibilidade. No estudo VCG não foi possível observar o pareamento entre os isolados testados não havendo, portanto compatibilidade vegetativa entre os mesmos. Com o intuito de conhecer a estrutura de populações deste patógeno e direcionar pesquisas de resistência ao mal-do-Panamá, novos estudos serão conduzidos para elucidar a origem da variação encontrada, uma vez que não se conhece reprodução sexual para esta espécie.

Palavras-chave: biologia de populações; VCG, marcadores microssatélites