

## Caracterização molecular de populações de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cupense* em regiões produtoras de banana na Bahia

Rafael Souza Vasconcelos<sup>1</sup>; Fernando Haddad<sup>2</sup>, Edson Perito Amorim<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; <sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura; E-mails: svrafa@hotmail.com; fernando.haddad@embrapa.br, edson.amorim@embrapa.br

O mal-do-Panamá, causado pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cupense* (Foc), é uma das doenças mais destrutivas da bananeira, sendo considerada entre as cinco doenças economicamente mais importantes de todos os tempos. O fato de ser causada por um fungo do solo que, mesmo na ausência da cultura, sobrevive por períodos prolongados, faz com que a medida de controle mais efetiva seja o uso de variedades resistentes. Desta forma, o projeto tem como objetivo caracterizar populações brasileiras de Foc por meio de marcadores SSR. As coletas foram realizadas nos municípios de Bom Jesus da Lapa, Guanambi, Barra do Choça e Itajuípe. Para obtenção de DNA fúngico, os isolados monospóricos foram transferidos para meio BDA e incubados por sete dias a 25°C sob agitação contínua. A massa micelial de cada isolado foi filtrada e seca por duas horas em câmara de fluxo laminar, em seguida macerada com nitrogênio líquido e transferida para microtubos. O DNA foi extraído conforme metodologia proposta por Doyle e Doyle (1990). Para a análise da variabilidade em locus SSR de 60 isolados de Foc testou-se nove iniciadores SSR. A riqueza da variabilidade foi estimada com base no número de haplótipos para a população total e suas subpopulações (localidades). Para mensurar a diversidade genotípica (riqueza e equitabilidade), foram calculados os índices de Shannon-Wiener (N1) e Índice de Simpson ( $\square$ ), além do índice  $E5 = [(G-1)/(N1-1)]$ . Para análise de 60 isolados de Foc, quatro iniciadores (MB2, MB11, MB14 e MB18) que amplificaram para todos os isolados e foram capazes de separar os haplótipos (23 haplótipos) e detectar polimorfismo entre os mesmos. Os outros iniciadores não amplificaram para a totalidade ou grande parte dos isolados testados. Dos 60 isolados que foram observados na população total, obtiveram-se 14 haplótipos diferentes, sendo oito haplótipos únicos e apenas um deles, o haplótipo um (H1), foi encontrado em 38 isolados. Na subpopulação de Bom Jesus da Lapa (38 isolados) encontraram-se 12 haplótipos, Guanambi (9 isolados) com quatro haplótipos, Itajuípe (11 isolados) e apenas um haplótipo, Barra do Choça e Tancredo Neves tiveram apenas um isolado com um haplótipo cada). Apesar da diferença dos números de riqueza observada, não houve diferença significativa para os índices de diversidade, calculados pelos índices que mede a diversidade (Shannon-Wiener (H'); Hills (N1); Simpson ( $\square$ )), no entanto para os valores dos índices de equitabilidade existe diferença significativa, indicando que a distribuição de diversidade da subpopulação de Bom Jesus da Lapa e de Guanambi é bem próxima da diversidade da população total, sendo que a maior equitabilidade foi observada para Guanambi que com nove isolados, teve quatro haplótipos, tendo uma alta frequência, evidenciando que os marcadores SSR testados são válidos para uso em estudos de variabilidade genética.

**Palavras-chave:** Fusarium; melhoramento; variabilidade genética.