

## MICOLOGIA

635

### **ESTRUTURA GENÉTICA E DIVERSIDADE DO AGENTE ETIOLÓGICO DA SIGATOKA-NEGRA COLETADO EM SETE ESTADOS DO BRASIL. SOUZA, R.F.<sup>1</sup>, FERNANDES, F.S.<sup>2</sup>, GASPAROTTO, L.<sup>3</sup>, HANADA, R.E.<sup>4</sup>, NELCIMAR, R.S.<sup>3</sup>, SILVA, G.F.<sup>3</sup>.**

<sup>1</sup>Bolsista IC/CNPq Embrapa Amazônia Ocidental, <sup>2</sup>Bolsista IC/FAPEAM Embrapa Amazônia Ocidental, <sup>3</sup>Pesquisador da Embrapa Amazônia Ocidental, <sup>4</sup>Pesquisador do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. E-mail: [gilvan.silva@cpaa.embrapa.br](mailto:gilvan.silva@cpaa.embrapa.br). Genetic structure and diversity of the etiologic agent of Sigatoka-negra collected in seven states of Brazil.

A Sigatoka-negra, causada por *Mycosphaerella fijiensis*, é a principal doença foliar limitante da produtividade da cultura da bananeira no mundo. O presente estudo objetivou analisar a diversidade e estrutura genética da população de *M. fijiensis* oriundas dos estados do Acre, Amazonas, Mato Grosso, Pará, Roraima, Rondônia e São Paulo por meio do marcador molecular *Inter Simple Sequence Repeat* (ISSR). Foram analisados 188 isolados com dez *primers* de ISSR. Um total de 120 bandas foram amplificadas e destas, 104 (86,67 %) foram polimórficas, resultando numa média de 10,4 bandas polimórficas por *primer*. O índice de similaridade genética estimada pelo coeficiente de *Jaccard* variou de 0,54 a 0,96 e foi capaz de diferenciar 98,94 % da população evidenciando a eficácia do marcador ISSR em detectar diferenças na população brasileira de *M. fijiensis*. Os dados revelam a presença de três subpopulações estruturadas geneticamente. O baixo índice de diversidade ( $\pm 0,20$ ) encontrado na população do Brasil de *M. fijiensis* pode ser reflexo da recente introdução do fungo no país, registrada em 1998. Os dados obtidos sugerem fortemente a ocorrência de efeitos fundadores distintos na população analisada. Apoio: CNPq, EMBRAPA/CPAA.