

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

Átila Sousa¹; Casley Borges de Queiroz¹; Gilvana Fegueira Gualberto¹; Luadir Gasparotto²; Nelcimar Reis Sousa²; Patricia da Costa Gomes¹; Rodrigo Fernandes de Souza¹; Rogério E. Hanada³; Ramon Veiga Paixão¹; Rômulo Veiga Paixão¹; Gilvan Ferreira da Silva²

¹Bolsista CNPq; ²Pesquisador Embrapa Amazônia Ocidental; ³Pesquisador, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia – INPA. E-mail: 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)₈T, (AG)₈YT, (AG)₈YA, (GA)₈YC, (AC)₈YA, (AG)₇HBH, (AC)₇DBD, (GA)₇HBH e trinucleotídeos (ACC)₆ e (ATG)₆.

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.

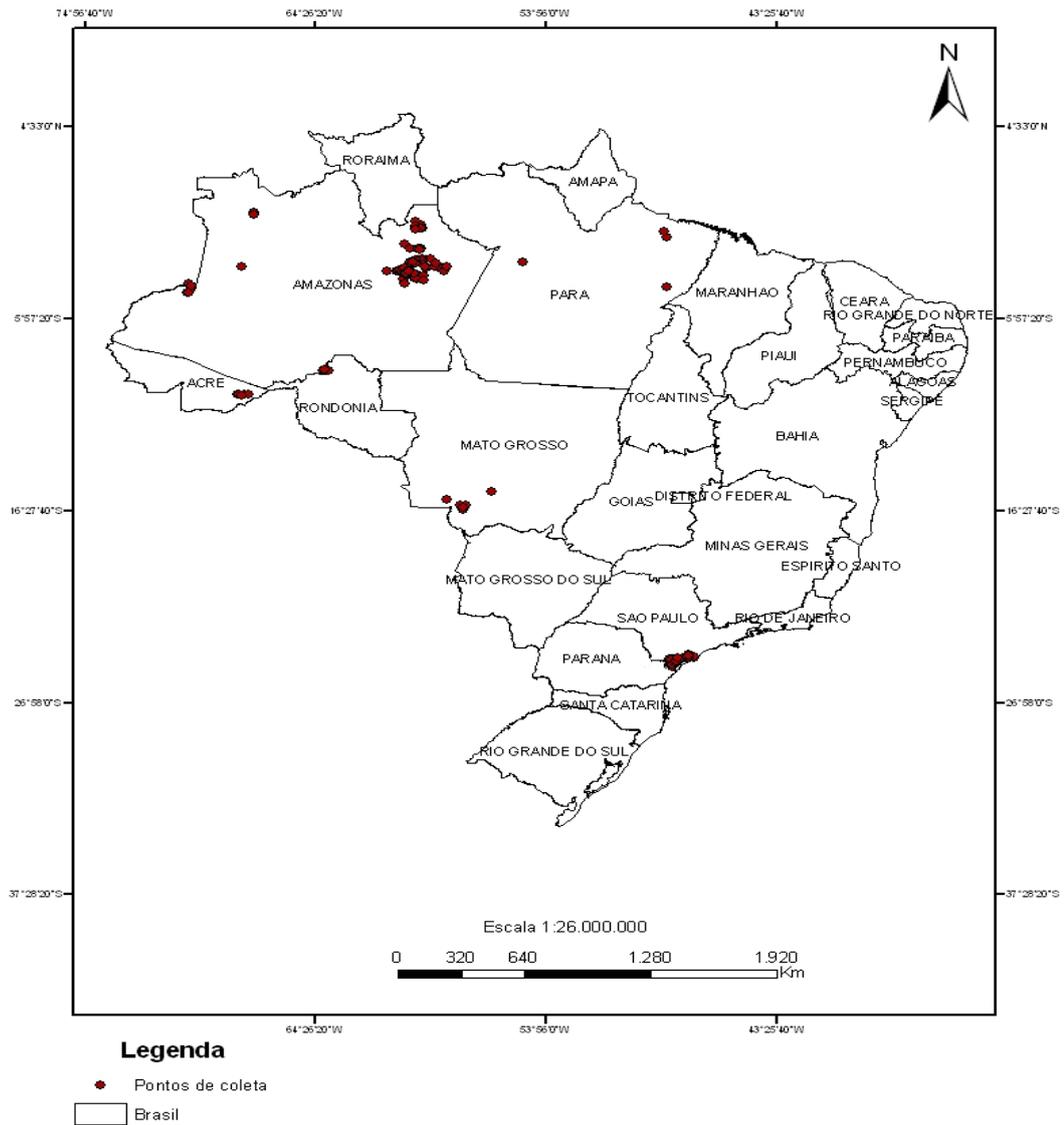


Figura1. Mapa da distribuição de locais de coleta de isolados em diferentes regiões e estados no Brasil.

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