

## Diversidade Genética de *Fusarium* spp. Associado à Fusariose do Maracujazeiro no Estado da Bahia por Meio de Marcadores SSR

Marcela Passos Cavalcanti<sup>1</sup>; Cristiane de Jesus Barbosa<sup>2</sup>; Alessandra Selbach Schnadelbach<sup>3</sup>; Luciana Veiga Barbosa<sup>3</sup>; Fernando Haddad<sup>2</sup>; Saulo Alves Santos de Oliveira<sup>2</sup>; Carlos Augusto Dórea Bragança<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Bióloga, Programa de Pós Graduação em Genética e Biodiversidade da Universidade Federal da Bahia; <sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura; <sup>3</sup>Universidade Federal da Bahia; Universidade Federal do Recôncavo da Bahia<sup>4</sup>. E-mails: marcelapcavalcanti@hotmail.com, cristiane.barbosa@embrapa.br, alessandra.schnadelbach@gmail.com, fernando.haddad@embrapa.br, saulo.oliveira@embrapa.br, carlosadbraganca@gmail.com

**Introdução** – O Brasil é o maior produtor mundial de maracujá amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg.) e o Estado da Bahia lidera a produção da fruta. A fusariose, incitada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *passiflorae* (FO) e *F. solani* (FS), causa murcha e podridão de raízes, respectivamente, entre outros sintomas, e é um dos principais fatores responsáveis pelo baixo rendimento dos municípios baianos. Na Bahia há ocorrência de ambas espécies, o que implica que o desenvolvimento de variedades resistentes deve ser direcionado para estes dois patógenos. **Objetivos** – Este estudo teve como objetivo analisar a diversidade de isolados de FO e FS associados à fusariose do maracujazeiro na Bahia por meio de marcadores SSR. **Material e Métodos** – Foram utilizados 66 isolados, sendo 44 isolados de FO e 22 de FS, recuperados de plantas de maracujá com sintomas de murcha e/ou podridão fusariana em diferentes pomares com fusariose ou com histórico de fusariose do Estado da Bahia. Os isolados da Bahia foram agrupados em função da classificação climática de Köppen-Geiger. As reações de amplificação foram realizadas com cinco marcadores SSR (MB2, MB11, MB14, MB17 e MB18) e os produtos resultantes foram separados por eletroforese em gel desnaturante de poli(acrilamida) 6%, a 1600V e 60W, por um período de duas horas. O valor do tamanho das bandas (pares de bases) para cada uma das marcas dos diferentes loci foram utilizados para as análises de diversidade e estruturação genética. As análises foram realizadas com auxílio dos pacotes "popp", "adegenet", "vegan", "vegetarian" e "DEMEtics", implementados na plataforma do software R. **Resultados** – Os marcadores utilizados foram eficientes no estudo de diversidade destes patógenos. Foi encontrada alta diversidade genotípica intraespecífica. Houve maior variação genética dentro das zonas climáticas e ausência de diferenciação entre as regiões, o que pode estar ligado ao fluxo gênico causado pelo transporte de material propagativo infectado. A hipótese de reprodução sexual foi rejeitada e a alta diversidade pode ser atribuída a eventos de reprodução parassexual ou mutação. Em FO foram encontrados 19 haplótipos, sendo 9 únicos e em FS foram encontrados 21 haplótipos, sendo 20 únicos. Os grupos genéticos formados através da Análise de Discriminante de Componentes Principais (DAPC) coincidiram com a estrutura haplotípica observada na *minimum spanning*, mas não houve estruturação geográfica da diversidade entre os isolados no que se refere aos municípios. **Conclusão** – Estudos futuros devem ser realizados para investigar a patogenicidade e agressividade dos isolados. Estes trabalhos podem ser importantes para os programas de melhoramento genético do maracujazeiro visando resistência à fusariose. Esta pesquisa teve o apoio financeiro da Fapesb.

**Palavras-chave:** *Passiflora* spp; morte prematura; podridão fusariana; marcadores microssatélites.