



ISBN 978-85-66836-16-5

DIFERENCIAÇÃO DE *Colletotrichum gloeosporioides* SENSU LATO ISOLADOS DE MANDIOCA POR MEIO DE BOX E ERIC-PCR¹ / Differentiation of *Colletotrichum gloeosporioides* sensu lato isolated from cassava by BOX and ERIC-PCR. L. L. SILVA²; S. A. S. OLIVEIRA³. ²Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Rua Rui Barbosa 710 44380-00, Cruz das Almas, Brasil. Leand_lopes@yahoo.com.br; ³Embrapa Mandioca e Fruticultura, Rua Embrapa s/n 44380-000, Cruz das Almas, Brasil. E-mail: leand_lopes@yahoo.com.br

A antracnose causada pelo fungo *Colletotrichum gloeosporioides* sensu lato é uma importante doença em diversas culturas, dentre elas a mandioca. Métodos moleculares vêm sendo utilizados para estudo de diversidade e no auxílio de diferenciação e identificação de fitopatógenos, entre eles BOX-PCR e ERIC-PCR. Em vista disso, o objetivo desse trabalho foi avaliar essas técnicas como uma ferramenta para a diferenciação de isolados pertencentes ao complexo *C. gloeosporioides* associados a antracnose da mandioca. Foram utilizados os conjuntos de primers BOX e ERIC para avaliar a diferenciação dentro do complexo *C. gloeosporioides* em 81 isolados oriundos de 17 municípios produtores de mandioca localizados na região do Recôncavo da Bahia. Os produtos de PCR foram corridos em gel de agarose 1,5%, seguido de análise das bandas apresentadas. Para a análise dos dados, os padrões de bandas apresentados nos géis foram convertidos em matrizes sendo '0' ausência da banda e '1' presença. As matrizes binárias obtidas foram utilizadas para estimativa de distância genética e construção de dendrogramas utilizando o coeficiente de similaridade de Jaccard pelo método UPGMA. As técnicas ERIC-PCR e BOX-PCR revelaram polimorfismo entre os 81 isolados de *Colletotrichum* spp. testados. O número e o tamanho das bandas variaram entre os isolados testados. Cinco isolados foram selecionados para verificação da repetibilidade da análise, sendo que os mesmos padrões de bandas foram obtidos para as diferentes reações. A análise baseada em ERIC-PCR apresentou maior número de padrões de bandas, e permitiu uma melhor diferenciação entre os isolados. Foram formados 7 grupos bem definidos. Já o BOX-PCR apresentou menor número de bandas e o pior agrupamento de indivíduos. A comparação entre as matrizes de distância genética dos isolados evidenciou que a utilização conjunta dos dados obtidos para BOX e ERIC-PCR foi menos eficiente do que somente ERIC-PCR. Desta forma, conclui-se que a técnica de ERIC-PCR apresenta uma maior eficiência na detecção do polimorfismo e diferenciação de indivíduos, demonstrando-se, portanto, uma ferramenta promissora para auxílio na diferenciação genética de linhagens dentro do complexo *C. gloeosporioides*.

Palavras-chave: *Colletotrichum* spp.; Rep-PCR; DNA fingerprint.

¹ Concessão: Embrapa Mandioca e Fruticultura, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e CAPES.