

Análise do perfil genético de *Bipolaris sorokiniana* isolados de sementes de trigo do Brasil e de outros países.

Feltrin, Thaisa¹; Mann, Michele B². Frazzon, Ana Paula G²; Van Der Sand, Sueli T²(orient.)

¹ Instituto de Ciências da Saúde, Universidade FFEVALE;

² Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia. UFRGS.

INTRODUÇÃO

Bipolaris sorokiniana é um fungo fitopatogênico responsável por doenças nas culturas de trigo, cevada e triticale ocasionando moléstias como a podridão comum da raiz, ponta preta, carvão do nó e mancha marrom.

No Brasil, este fungo encontra-se amplamente distribuído, acarretando perdas econômicas significativas na cultura de cereais de inverno. O fitopatógeno apresenta uma grande variabilidade morfológica e fisiológica, dificultando o seu controle.

OBJETIVO

O presente estudo teve por principal objetivo avaliar a diversidade genética de *B. sorokiniana* isolados de sementes de trigo do Brasil e coleções internacionais aplicando URP-PCR em culturas monospóricas do fungo.

MATERIAS E MÉTODOS

Foram empregados 20 isolados de *B. sorokiniana*.

• Obtenção de Culturas Monospóricas:

Os isolados polispóricos foram crescidos em meio ágar água, onde três conídios de cada isolado foram coletados e inoculados em placas de Petri contendo o meio de cultura ágar batata dextrose (BDA). Os isolados foram incubados por 7 dias a 28°C. Ao final obteve-se três culturas monospóricas de cada isolado aos quais foram atribuídas as letras A, B e C aos nomes originais. No total 60 isolados foram avaliados.

• PCR-URP (*Universal Rice Primers*):

A extração do DNA genômico foi realizado conforme o protocolo de Ashktorab e Cohen (1992). Para a amplificação do DNA, foram utilizados 12 *primers* URP, e as condições de amplificação: seguiram o protocolo de Kang *et al* (2002). Os produtos de amplificação foram analisados em gel de agarose 1,5%.

RESULTADOS

O DNA genômico dos isolados de *B. sorokiniana* quando submetidos à amplificação por PCR-URP, geraram fragmentos com uma significativa diversidade entre os isolados. Os oligonucleotídeos URP-30F, URP-6R e URP-17R apresentaram o maior percentual de isolados com produtos de amplificação, e os oligonucleotídeos URP-13R, URP-25F e URP-32F amplificaram o menor número de isolados.

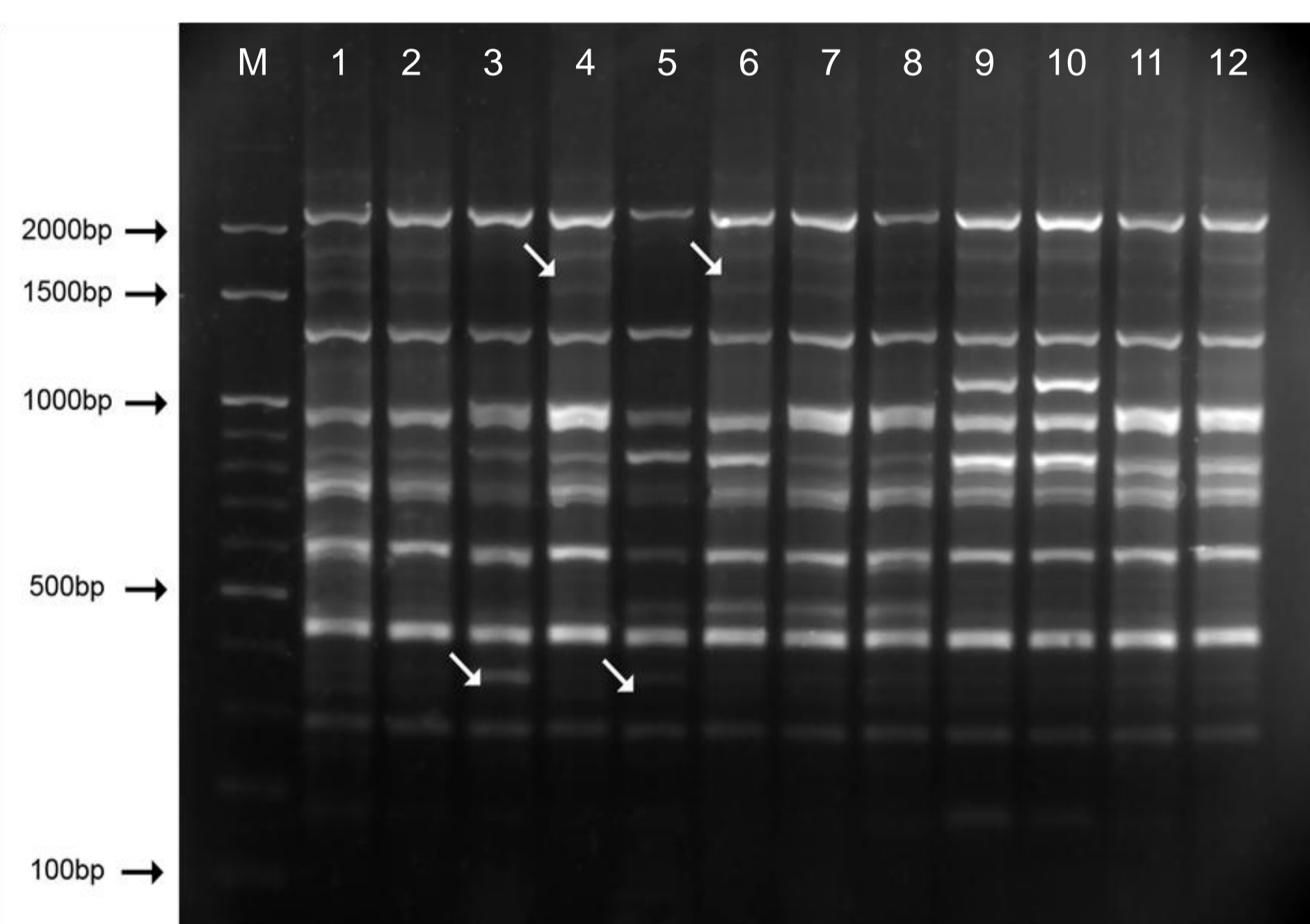


Fig. 1- Produto da amplificação do DNA genômico dos isolados monospóricos de *B. sorokiniana* com oligonucleotídeo iniciador URP-1F. Gel de agarose 1,5%. (M) Marcador DNA Ladder 100 bp., (1) 98013 A, (2) 98013B, (3) 98026B, (4) 98026C, (5) 98032B, (6) 98032C, (7) 98034B, (8) 98034C, (9) 98041A, (10) 98041C, (11) BS16M1A e (12) BS16M1C.

O perfil de fragmentos observado a partir da amplificação com o oligonucleotídeo URP-1F demonstrou uma variabilidade entre os isolados monospóricos oriundos da mesma cepa polispórica, apresentando padrões intraespecíficos distintos. (Fig. 1).

CONCLUSÃO

A técnica de PCR-URP mostrou-se com grande sensibilidade e reprodutibilidade, permitindo avaliar o perfil de polimorfismo dos isolados monospóricos de *B. sorokiniana* deste estudo.

Referências

- ASHKTORAB, H.; COHEN, R.J. Facile isolation of genomic DNA from filamentous fungi. *Biores Technol*, 13, 198-200, 1992.
- KANG, H-W.; PARK, D-S.; GO, S-J; EUN, M-Y. Fingerprinting of diverse genomes using PCR with universal rice primers generated from repetitive sequence of Korean weedy rice. *Mol. Cell*. 13, 281-287, 2002.

