



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2013
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Caracterização de isolados monospóricos e polispóricos de <i>B. sorokiniana</i> por REP-PCR
<b>Autor</b>	KIMBERLY IWANCZUK
<b>Orientador</b>	SUELI TERESINHA VAN DER SAND

*Bipolaris sorokiniana* é um fungo filamentosso responsável pela morte de plântulas de trigo e outras gramíneas, ocasionando diferentes moléstias de acordo com o órgão da planta afetado. O fitopatógeno pode sobreviver em resíduos culturais que somado a presença de condições ambientais favoráveis podem proporcionar a multiplicação do fungo e o desenvolvimento da doença. No Brasil, este fitopatógeno ocasiona grandes perdas econômicas na cultura do trigo. A técnica de REP-PCR (Repetitive Extragenic Palindromic elements) tem sido utilizada com êxito para acessar a diversidade genética de bactérias e fungos. O presente estudo teve por objetivo investigar a presença de monomorfismo e polimorfismo em isolados de *B. sorokiniana* utilizando a técnica de REP-PCR. Foram empregados 32 isolados monospóricos e 16 polispóricos de *B. sorokiniana* oriundos do Brasil e de outros países. Os isolados foram submetidos à extração de DNA e a seguir foram amplificados com os oligonucleotídeos iniciadores. Os produtos de amplificação foram analisados em gel de agarose 1,5% e submetidos a uma corrente de 60mA por 4 horas. Posteriormente, os géis foram corados com brometo de etídio e analisados utilizando o programa Gel-Pro Analyser. O padrão de amplificação dos 58 isolados variou de 2080 a 160pb. Analisando os produtos de amplificação observou-se a presença de um fragmento de aproximadamente 536 pb em 45 isolados do fitopatógeno. Alguns isolados monospóricos apresentaram um perfil de bandas distinto dos demais isolados de mesma origem polispórica e mostraram reprodutibilidade nas amplificações. Embora a técnica da REP-PCR tenha sido desenvolvida com base em sequências repetitivas de procariotos, a técnica se mostrou eficiente também na diversidade de fungos filamentosos. Por analisar o genoma completo dos microrganismos, a REP-PCR apresenta uma avaliação mais ampla em relação a algumas técnicas que restringem a análise de fragmentos específicos do DNA.