

O fitopatógeno *Bipolaris sorokiniana* infecta diversas gramíneas ocasionando doenças como a podridão comum da raiz, carvão do nó, mancha marrom e ponta preta dos grãos. Dentre as gramíneas infectadas encontramos a cevada, o trigo, triticales e outros. O trigo representa, no âmbito mundial, a segunda maior cultura de grãos, no entanto, o Brasil está entre os três maiores importadores mundiais de trigo. A principal fonte de inóculo do fitopatógeno é a semente, contudo a elevada variabilidade morfológica e fisiológica de *B. sorokiniana* dificulta a sua identificação, assim como o tratamento das sementes infectadas. Sendo assim, a caracterização molecular do fitopatógeno se mostra indispensável. O objetivo desse trabalho é estudar a diversidade genotípica de *B. sorokiniana* isolados de sementes de trigo do Brasil e de outros países utilizando RFLP-ITS. Para tanto, quarenta isolados polispóricos estão sendo utilizados. A extração, purificação e quantificação do DNA genômico foi realizada. As reações de amplificação foram realizadas com os oligonucleotídeos iniciadores universais para fungos ITS4 e ITS5. Todos os isolados apresentaram um produto de amplificação com aproximadamente 600pb, esperado para as regiões ITS, junto com o segmento 5.8S do rDNA. Os produtos das amplificações estão sendo digeridos com as endonucleases de restrição *EcoR* I, *Hae* III, *Hha* I, *Hinf* I, *Hind* III e os produtos de amplificação e clivagem submetidos à eletroforese em gel de poliacrilamida para posterior análise dos perfis dos fragmentos de DNA baseados no coeficiente de similaridade.