

*Bipolaris sorokiniana* é um fungo fitopatogênico que causa moléstias como mancha marrom, ponta preta do grão e podridão comum da raiz, ocasionando perdas econômicas mundiais no cultivo do trigo. Este fungo possui uma alta variabilidade genética, fisiológica e morfológica. O principal objetivo deste trabalho é caracterizar a diversidade molecular de amostras monospóricas de *B. sorokiniana* isolados de sementes. Sessenta isolados monospóricos foram utilizados na análise. O DNA genômico dos isolados foi extraído e submetido à amplificação por PCR utilizando 12 oligonucleotídeos iniciadores universais construídos a partir de sequências repetidas do genoma do arroz (URP). Os perfis gerados foram analisados pelo método de médias aritméticas não ponderadas (UPGMA). A maioria dos oligonucleotídeos amplificou o DNA de *B. sorokiniana*. Os oligonucleotídeos URP-30F, URP-6R, URP-17R e URP-38F apresentaram um elevado índice de isolados que tiveram os seus DNAs amplificados. Porém, um perfil menor de amplificação entre os isolados foi observado com os oligonucleotídeos URP-13R, URP-25F e URP-32F. O número total de fragmentos gerados com cada um dos oligonucleotídeos variou entre 41 e 77. O maior índice de fragmentos polimórficos foi visto nos oligonucleotídeos URP-17R, URP-30F, URP-32F e URP-6R. O método PCR-URP permitiu obter informações importantes sobre o perfil genético das culturas monospóricas mostrando distinções entre os três conídios isolados da mesma cepa polispórica. A maioria dos oligonucleotídeos amplificados geraram perfis polimórficos com os diferentes isolados. A taxa de oligonucleotídeos que gerou um perfil monomórfico entre os isolados foi baixa. A análise forneceu informações relevantes sobre a variabilidade genética e a relação entre os isolados de *B. sorokiniana*.