



ISBN 978-85-66836-16-5

VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Ralstonia solanacearum* ecotipo Moko NO ESTADO DO AMAZONAS. Genetic variability of *Ralstonia solanacearum* ecotype Moko in Amazonas state. J.R. SILVA¹; A.K.L. PAIS¹; A.M.F. SILVA¹; E.B. SOUZA¹; R.A. COELHO NETTO²; R.L.R. MARIANO¹. ¹Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, 52171-900, Recife, Brasil. ²Laboratório de Fitopatologia, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, 69067-375, Manaus, Brasil. E-mail: rmbac@gmail.com

O Moko da bananeira, causado pela bactéria *Ralstonia solanacearum*, é uma das principais doenças da cultura na região amazônica do Brasil. O difícil controle da doença, se deve, entre outros fatores, à variabilidade de *R. solanacearum*, que é uma praga quarentenária presente (A2) restrita a todos os estados da região Norte, com exceção do Acre; e ao Sergipe, na região Nordeste. Desta forma, foi estudada a variabilidade genética de 40 isolados de *R. solanacearum* do estado do Amazonas, ao nível de espécie, filotipo e sequevar. Após a extração e quantificação do DNA, os isolados foram identificados pela técnica de PCR – filotipo multiplex (PmxPCR). Foram utilizados os primers 759/760 que amplificam um fragmento específico de 280 pb para a espécie *R. solanacearum* e um conjunto de quatro primers específicos da série Nmult, os quais amplificam fragmentos de 144, 372, 91 e 213 pb, correspondentes aos filotipos I, II, III e IV, respectivamente. A sequevar foi caracterizada pela técnica de Moko multiplex com um conjunto de primers específicos que amplificam fragmentos de 400, 351, 220 e 100 pb, identificando as sequevars 3, 4, 6 e 24, respectivamente. Para a confirmação de filotipo e sequevar foi realizado o sequenciamento parcial do gene *egl* com os primers Endo-F e Endo-R e as relações filogenéticas entre as sequências foram analisadas pelos métodos de Neighbor-Joining (NJ) com o algoritmo de Jukes e Cantor. Todos os isolados foram identificados como *R. solanacearum* e pertencentes ao filotipo II. A análise filogenética do gene *egl* revelou a presença das sequevars IIA-24 (36 isolados) e IIA-4 (4 isolados), representando 90% e 10% da população, respectivamente. Este novo conhecimento sobre a variabilidade de *R. solanacearum* ecotipo Moko, no Amazonas, é de fundamental importância para a adequação de medidas de controle ou para o desenvolvimento de novas estratégias baseadas na resistência de germoplasma.

Palavras-chaves: Moko da bananeira; Filotipo; Sequevar.