

# **EXTRAÇÃO DE DNA GENÔMICO E PCR DE ISOLADOS CAUSADORES DA PODRIDÃO DA COROA EM FRUTOS DE BANANA EM ÁREAS PRODUTORAS DA REGIÃO NORDESTE**

## **XIII Encontro de Pesquisa e Pós-Graduação**

Mirla Maria Mesquita Almeida, Diene Elen Miranda da Silva, Christiana de Fatima Bruce da Silva, Cristiano Souza Lima

O Nordeste tem se destacado como a principal região produtora de banana (*Musa spp.*) do país. O estado do Ceará e o Rio Grande do Norte se destacam na produção da fruta, sendo de grande importância econômica para a região produtora. Entretanto, doenças na fase de pós-colheita tem afetado a comercialização e tempo de vida de prateleira desses frutos, ocasionando perdas consideráveis. Dentre essas doenças destaca-se a podridão da coroa da banana. O conhecimento sobre as espécies causadoras dessa podridão é fundamental para o desenvolvimento de métodos adequados de controle da doença. Sabendo disso, o objetivo deste trabalho foi realizar a extração de DNA (ácido desoxirribonucleico) de isolados causadores da podridão da coroa no Ceará e no Rio Grande do Norte, para posterior uso em estudos filogenéticos. Os isolados, previamente identificados por caracterização morfológica como *Lasiodiplodia sp.* (n=22), foram preservados pelo método Castellani. E para a caracterização molecular foi necessário realizar a extração de DNA genômico, seguindo protocolo CTAB. A extração de DNA foi realizada no Laboratório Multiusuário de Biologia Molecular Aplicada a Agricultura (BIOAGRI), no setor de Fitossanidade, Depto de Fitotecnia. Após a extração de DNA, foi verificado se tinha DNA na amostra, através de leitura da concentração das amostras em PicoDrop. Em seguida foi realizada a PCR (reação em cadeia da polimerase) utilizando a região ITS (espaço interno transcrito) e TEF1 (fator de elongação 1 alfa) para a multiplicação do DNA da extração. Após a PCR foi necessária eletroforese em gel de agarose para verificar se tinha DNA suficiente para realizar o sequenciamento das amostras. Por último, as amostras foram enviadas para o sequenciamento do DNA na MACROGEN, na Coreia do Sul. Conclui-se que o protocolo CTAB utilizado proporcionou a obtenção de DNA genômico dos isolados, com alto peso molecular (> 10.000 pb) e com qualidade para as amplificações por PCR.

Palavras-chave: Filogenia. Botryosphaeriaceae. *Lasiodiplodia*. Pós-colheita.