

BACTÉRIAS FITOPATOGÊNICAS

177-1 **Frequência haplotípica de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* estimada por Rep-PCR**
(Haplotype frequency of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* estimated by rep-PCR)

Autores: **PAIVA, B. A. R. D.** - brunaalicia@hotmail.com (UFG - Universidade Federal de Goiás); **WENDLAD, A.** (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária); **BARROS, M. V. D. C.**(EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária)

Resumo

A análise de regiões repetitivas por meio da rep-PCR é uma abordagem muito utilizada nos estudos de diversidade genética. O objetivo foi estimar a frequência haplotípica de isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap) oriundos de regiões produtoras de feijoeiro no Brasil. Foram selecionados vinte isolados dos estados do PR, RS, SP e GO, que foram submetidos à extração do DNA, e posterior amplificação com os iniciadores ERIC, REP e BOX. O dendrograma da rep-PCR obtido pelo software NTSYS-PC, permitiu identificar a diversidade genética entre os isolados, pela geração de seis, sete e onze haplótipos distintos para os iniciadores ERIC, BOX e REP, respectivamente. Sendo um total de vinte haplótipos combinados, mostrando alta variabilidade. Foi possível ainda separar em dois grupos, onde o segundo grupo (Xap 126, Xap 99, Xap138), apresenta elevada distância genética do restante dos isolados. Os resultados evidenciam também a falta de correlação entre as regiões geográficas de origem e o perfil genético. A falta de diferenciação geográfica pode ser devido à introdução de sementes contaminadas de diferentes regiões, e também devido à recombinação genética da bactéria. É possível que esteja ocorrendo mutações espontâneas, ou ainda, conjugação, transdução e transformação. Vários autores encontraram resultados satisfatórios para diversas espécies de bactérias, além de constatarem a preferência de hibridização dos iniciadores REP e ERIC com bactérias gram-negativas. Neste sentido, a utilização conjunta dos iniciadores foi fundamental para avaliação da variabilidade genética dos isolados.