

PCR-multiplex para identificação de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e *X. fuscans* subsp. *fuscans* / PCR-multiplex to identify *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *X. fuscans* subsp. *fuscans*. B.A.R. Paiva¹; A. Wendland²; M.A.S.V. Ferreira¹; L.G. Araújo³. ¹IB-UnB, CEP 70910-900, Brasília, DF, ²Embrapa Arroz e Feijão, Sto Antônio de Goiás, ³EA-UFG, CEP 74690-900.

O crestamento bacteriano comum (CBC), uma das doenças mais importantes do feijoeiro-comum, é causado pelo complexo *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e *X. fuscans* subsp. *fuscans*. O conhecimento da distribuição e diversidade desses patógenos no Brasil é vital para o manejo da doença. O objetivo foi estabelecer, identificar e caracterizar uma coleção de isolados, através de critérios fenotípicos e PCR-multiplex específica. As coletas têm sido realizadas desde 2008 até o presente. Inicialmente, uma subcoleção de isolados dos anos 2008-2011 foi submetida ao teste de patogenicidade em cultivar suscetível (BRS Rosinha G2), produção de pigmento marrom característico de Xff nos meios YDC, King B e MNBY, e PCR-multiplex (QIAGEN®) com os *primers* Xf 1.2 e Xf 2.2 (0,3 µM) e X4c e X4e (100 µM). Observou-se um forte pigmento em King's B após 2-3 dias de cultivo, e menos intenso em YDC e MNBY após 5-7 dias. Do total de 42 isolados, todos induziram sintomas na cv. suscetível e produziram pigmento. Ao se combinar o conjunto de *primers* obteve-se apenas um fragmento para Xap (730 pb), e dois para Xff (730 pb e 450 pb). Todos os isolados classificados como Xff por PCR produziram o pigmento, exceto em meio YDC, e confirmou-se a patogenicidade de todos os isolados que foram positivos por PCR. A combinação dos três testes é, portanto, fundamental para se evitar a identificação errônea dos isolados e deve ser empregada na caracterização da distribuição de Xap/Xff no Brasil.

Palavras-chave: Crestamento bacteriano comum; feijoeiro-comum; detecção.