

**Poster (Painel)****170-1 Estudo polifásico para reclassificação de estirpes simbiotes de feijoeiro em uma nova espécie no gênero *Rhizobium***

**Autores:** Ribeiro, R.A. (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária/UEL - Universidade Estadual de Londrina) ; Dall'agnol, R.F. (UEL - Universidade Estadual de Londrina/EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Delamuta, J.R.M. (UEL - Universidade Estadual de Londrina/EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Hungria, M. (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária)

**Resumo**

O Brasil tem se destacado mundialmente na produção de alimentos, tornando-se referência no sistema agrícola. O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) tem um importante destaque, e devido ao seu alto valor nutricional, é muito consumido na América Latina e alguns países Africanos. Entretanto, o aumento de produtividade da cultura ainda é um desafio, e a inoculação das sementes com bactérias fixadoras de nitrogênio torna-se uma aliada junto aos produtores dessa leguminosa, os quais sofrem com os altos preços dos fertilizantes nitrogenados que acabam onerando a produção. No intuito de otimizar o processo simbiótico planta-bactéria, é necessário buscar estirpes cada vez mais adaptadas ao clima, ao solo e às cultivares e, desse modo, a taxonomia desses procariotos precisa ser continuamente estudada. O objetivo deste trabalho foi reclassificar um grupo de bactérias que apresentam alta efetividade na fixação de nitrogênio com cultivares brasileiras de feijoeiro (PRF 35, PRF 54, CPAO 1135 e H 52) isoladas em diferentes regiões do Brasil, e classificadas atualmente como *R. tropici*. O estudo polifásico foi conduzido através do perfil genético por BOX-PCR, hibridização DNA-DNA, além de análise filogenética por multilocus sequence analysis (MLSA) com a utilização de três genes housekeeping, (*gyrB*, *recA* e *rpoA*). O perfil genético de BOX-PCR demonstrou um grupo consistente entre as quatro estirpes do novo grupo, com similaridade superior a 70% entre elas, porém inferior a 70% em relação à espécie de referência mais próxima, *R. miluonense*. Na análise de MLSA, o mesmo agrupamento foi formado de forma consistente e com valor de bootstrap de 100%. A hibridização DNA-DNA da nova espécie proposta com 11 estirpes de referência mais próximas resultou em valores inferiores a 49%. Os dados genéticos e filogenéticos apontam que esses isolados representam uma nova espécie dentro do gênero *Rhizobium*, sendo necessários estudos genômicos e morfofisiológicos complementares, os quais são exigidos pelo comitê internacional de taxonomia procariótica para a descrição de uma nova espécie.

**Palavras-chave:** *Rhizobium*, MLSA, *Phaseolus vulgaris* L., Simbiose