

Variabilidade Genética de Bactérias de Nódulos de *Arachis batizocoi* por Meio da Avaliação do Perfil de Amplificação de Genes Simbióticos

Genetic Variability of Bacteria from Root Nodules of *Arachis batizocoi* by Evaluation of the Amplification Profile of Symbiotic Genes

Jonnathan Whiny Moraes dos Santos¹; Jéssica Fernanda da Silva²; Tailane Ribeiro do Nascimento³; Thaise Rosa da Silva³; Beatriz Rodrigues Carvalho³, Ana Carla Resende Fraiz⁴; Paulo Ivan Fernandes Júnior⁵

O isolamento de novas estirpes de rizóbio para leguminosas é importante para a obtenção de bactérias eficientes. A utilização de espécies silvestres como plantas-isca é uma estratégia promissora para a obtenção de novos isolados com capacidade simbiótica superior. A confirmação da presença de genes simbióticos em novos isolados é uma ferramenta de seleção prévia, pois assegura potencial simbiótico dos micro-organismos e permite a sua seleção para avaliações subsequentes mais laboriosas e dispendiosas.

¹Engenheiro-agrônomo, estudante de mestrado do Programa de Pós-graduação em Ciências Agrárias, UEPB, Campina Grande, PB. Bolsista Capes.

²Bióloga, estudante de mestrado do Programa de Pós-graduação em Recursos Naturais do Semiárido, Univasf, Petrolina, PE. Bolsista Facepe.

³Estudante de Ciências Biológicas, UPE, Bolsista Pibic-Facepe – Embrapa Semiárido, Petrolina, PE.

⁴Bióloga, D.Sc. em Fisiologia Vegetal. Bolsista PNPd/Capes, Programa de Pós-graduação em Recursos Naturais do Semiárido, Univasf, Petrolina, PE.

⁵Biólogo, D.Sc. em Ciência do Solo, pesquisador da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, paulo.ivan@embrapa.br.

Objetivou-se, com este trabalho, caracterizar a variabilidade genética de bactérias isoladas de nódulos de *Arachis batizocoi* por meio da amplificação de genes simbióticos. As bactérias foram isoladas de nódulos de *A. batizocoi* cultivado em diferentes solos da região Nordeste. Após a purificação, o DNA das bactérias foi extraído com kit comercial e a amplificação foi feita por PCR para os genes *nifH*, *nodC* e *nodA*; sendo, para os dois últimos, as reações realizadas com dois pares de iniciadores para α e β -rizóbios, respectivamente. Foram utilizadas cinco estirpes de referência, sendo dois *Bradyrhizobium* (α) e três *Burkholderia* (β). Os dados foram transformados em uma matriz binária para construção de um dendrograma. Dos 44 isolados obtidos, 38 (86%) amplificaram o fragmento desejado, utilizando ao menos um dos pares de iniciadores, sendo oito bactérias (21%) positivas para os cinco pares de iniciadores. O dendrograma apresentou 17 grupos e as duas estirpes de *Bradyrhizobium* permanecendo em um mesmo grupo sem a presença de bactérias de *A. batizocoi*. As estirpes de *Burkholderia* permaneceram em mesmo grupo junto a oito isolados novos. Trinta bactérias novas apresentaram padrões de amplificação distintos dos observados para as estirpes de referência. O elevado número de padrões de amplificação para as estirpes novas demonstra a elevada variabilidade genética dos isolados de rizóbio de *Arachis batizocoi* e indica sua variabilidade quanto à capacidade de fixar N.

Palavras-chave: diversidade, fixação biológica nitrogênio, amendoim nativo, rizóbio.

Keywords: diversity, biological nitrogen fixation, wild peanut, rhizobia.

Fontes de financiamento: Embrapa, Capes, CNPq e Fapepe.