

Poster (Painel)

1506-1 **Uso de Multilocus Sequence Analysis (MLSA) para identificar rizóbios selecionados pela alta capacidade de fixação de nitrogênio com a cultura do feijoeiro em casa de vegetação e a campo**

Autores: Costa, M.R. (UEL - Universidade Estadual de Londrina) ; Delamuta, J.R.M. (UEL - Universidade Estadual de Londrina) ; Ribeiro, R.A (EMBRAPA - Embrapa Soja (CNPSO)) ; Mercante, F.M. (EMBRAPA - Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO)) ; Hungria, M. (EMBRAPA - Embrapa Soja (CNPSO))

Resumo

Estudos de taxonomia e filogenia de bactérias fixadoras de nitrogênio são de fundamental importância para a produção de inoculantes microbianos, que por sua vez são fundamentais para garantir altos rendimentos das culturas, redução de custos para o produtor, além de promover a sustentabilidade da agricultura. O objetivo do presente trabalho foi identificar, com base na metodologia de MLSA (*Multilocus Sequence Analysis*), isolados provenientes de seleção de rizóbios para a cultura do feijoeiro. Cinco bactérias foram selecionadas a partir de, aproximadamente, 400 isolados avaliados em casa de vegetação e em campo: CPAO 11.4; CPAO 12.5; CPAO 19.5; CPAO 29.8 e CPAO 56.4 e foram submetidas à metodologia de MLSA, utilizando dois genes *housekeeping* (*glnII* e *gyrB*). As árvores filogenéticas obtidas através da análise individual e da análise concatenada dos genes *housekeeping* permitiu o agrupamento dos isolados CPAO 11.4, CPAO 12.5, CPAO 29.8 e CPAO 56.4 com *Rhizobium leucaenae* (estirpe tipo CFN 299^T), no grande grupo de *R. tropici* (*R. tropici*-*R. leucaenae*-*R. freirei*) que agrupa bactérias recomendadas para a produção de inoculante no feijoeiro [CIAT 899 (=SEMII 4077), PRF 81 (=SEMIA 4080) e H 12 (=SEMIA 4088)]. A similaridade nucleotídica desses isolados para os genes *glnII* e *gyrB* variou de 97.0 a 99% dentro do grupo de *R. leucaenae*. Por outro lado, o isolado CPAO 19.5 não se agrupou com nenhuma espécie de *Rhizobium* utilizada como referência, o que pode ser indicio de uma nova espécie. Serão conduzidas análises com outros genes *housekeeping*, visando refinar o posicionamento taxonômico das estirpes. Confirmou-se que o método MLSA se apresenta como uma técnica sensível e confiável para ser utilizada em estudos de sistemática procariótica a fim de auxiliar na identificação de bactérias que visam potencializar a fixação biológica de nitrogênio na agricultura.