

## Frequência haplotípica de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* estimada por Rep-PCR

Bruna Alícia Rafael de Paiva<sup>1</sup>, Adriane Wendland<sup>2</sup>, Márcio Vinícius Márcio Vinícius de Carvalho Barros Cortes<sup>3</sup>.

O crestamento bacteriano comum causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*(Xap) é, dentre as doenças de origem bacteriana, a que apresenta maior importância para a cultura do feijoeiro. A variabilidade genética e agressividade na população do patógeno já foi evidenciada anteriormente com a análise de isolados de Xap e Xff. A análise de regiões repetitivas por meio de amplificação por Rep-PCR é uma abordagem muito utilizada nos estudos de diversidade genética. O objetivo deste trabalho foi estimar a frequência haplotípica de vinte isolados de Xap oriundos de quatro regiões produtoras de feijoeiro comum no Brasil. Foram selecionados vinte isolados de Xap dos estados do PR, RS, SP e GO, que foram submetidos à extração do DNA de acordo com a metodologia proposta por Li & De Boer(1995) com pequenas modificações. Para a amplificação do DNA utilizou-se como iniciadores os oligonucleotídeos ERIC, REP e BOX. O dendrograma da Rep-PCR obtido pelo programa NTSYS-PC (versão 2.1), permitiu identificar a diversidade genética entre os vinte isolados de Xap, 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 entre isolados. Foi possível ainda separar os isolados analisados 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 dos isolados. Esta 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 algum mecanismo molecular como, mutações espontâneas decorrentes da infidelidade da replicação do DNA, ou ainda, conjugação, transdução e transformação. Vários autores estudaram a eficiência desta técnica para diversas espécies de bactérias, e encontraram resultados satisfatórios, 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 de Xap.

<sup>1</sup> Engenheira Agrônoma, Discente do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UFG, Goiânia-GO, brunaalicia@hotmail.com

<sup>2</sup> Engenheira Agrônoma, Dra. em Fitopatologia, Pesquisadora na Embrapa Arroz Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO

<sup>3</sup> Farmacêutico, Analista na Embrapa Arroz Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO