

Prêmio**74-1 Análise filogenética do gene *nodY/K* revela coevolução e transferência horizontal entre *Bradyrhizobium* e leguminosas**

Autores: Delamuta, J.R.M. (UEL - Universidade Estadual de Londrina/EMBRAPA SOJA - Embrapa) ; Menna, P. (BIAGRO DO BRASIL - Biagro do Brasil) ; Hungria, M. (EMBRAPA SOJA - Embrapa/UEL - Universidade Estadual de Londrina)

Resumo

Plantas da família Leguminosae (Fabaceae) ocupam uma ampla variedade de biomas terrestres, com algumas delas estabelecendo simbiose com um grupo de bactérias coletivamente chamadas de rizóbios, cuja característica mais importante é a capacidade de fixar o nitrogênio atmosférico (N₂). No caso do Brasil, bactérias do gênero *Bradyrhizobium* representam a grande maioria dos isolados de leguminosas tropicais nativas, além de apresentarem relevância como simbioses de culturas de importância econômica, como é o caso da soja. Estudos taxonômicos com essas bactérias têm demonstrado uma elevada diversidade genética entre as estirpes e, nos últimos anos, várias espécies já foram descritas. Contudo, quando a filogenia dos genes envolvidos no processo de nodulação e fixação do nitrogênio é analisada, essa diversidade é menos evidente. Com o objetivo de aportar conhecimento à filogenia dos genes de nodulação desses microrganismos, 45 estirpes de *Bradyrhizobium* isoladas de diferentes leguminosas foram estudadas. O papel do gene de nodulação *nodY/K* ainda não está completamente elucidado, sendo considerado como um provável gene relacionado à especificidade hospedeira na nodulação. Neste estudo, o gene *nodY/K* foi amplificado por PCR e, posteriormente, sequenciado. Para uma análise filogenética comparativa, o gene ribossomal (16S rRNA) também foi sequenciado. A árvore construída com o gene 16S rRNA dividiu as estirpes em dois grandes grupos, de "*B. japonicum*" e de "*B. elkanii*", mas também revelou diversidade genética elevada em um dos grupos. No entanto, o agrupamento das estirpes com base no gene *nodY/K* não foi congruente com aquele encontrado com o gene 16S rRNA. É bem relatado que os fatores Nod são os responsáveis pela especificidade entre planta e bactéria e os resultados deste estudo confirmam isso, uma vez que 39 estirpes isoladas de soja apresentaram a sequência do gene *nodY/K* idêntica às espécies que são simbioses da cultura. Seis estirpes não foram isoladas de soja; dentre essas, apenas a SEMIA 6071, isolada de *Stylosanthes* sp., agrupou com as estirpes simbioses do grupo *B. japonicum* e foi capaz de nodular a soja. As outras estirpes (SEMIAS 613, 621, 938, 6056 e 6391) que não nodulam soja, ocuparam posições isoladas na árvore e apresentaram sequências gênicas divergentes. Os resultados obtidos suportam a hipótese de coevolução entre simbiote e leguminosa, mas também indicam que esses genes podem sofrer transferência horizontal, aumentando assim, a diversidade simbiótica entre as espécies.

Palavras-chave: Taxonomia de procariotos, filogenia de procariotos, fixação biológica do nitrogênio