

Prêmio

86-1 **Estudo filogenético da diversidade do gênero *Bradyrhizobium* por MLSA e utilização desta técnica para designar possíveis novas espécies.**

Autores: Helene, LCF (UEL - Universidade Estadual de Londrina EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária: Soja) ; Delamuta, JRM (UEL - Universidade Estadual de Londrina EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária: Soja) ; Ribeiro, RA (UEL - Universidade Estadual de Londrina EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária: Soja) ; Hungria, M (UEL - Universidade Estadual de Londrina EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária: Soja)

Resumo

Bactérias simbióticas fixadoras de nitrogênio, também chamadas popularmente de rizóbios, têm grande relevância agrônômica, pois fornecem quantidades significativas de N para as plantas e colaboram para a recuperação de solos e ambientes degradados. Nos últimos anos, com o avanço das técnicas moleculares e das análises genéticas, diversos trabalhos têm demonstrado que essas bactérias apresentam uma elevada diversidade genética, resultando em reclassificações taxonômicas e na descrição de novas espécies. Apesar do gene ribossomal 16S (16S rRNA) ainda ser utilizado em análises filogenéticas de procariotos, sua alta conservação não é capaz de revelar diferenças entre espécies de diversos gêneros, incluindo *Bradyrhizobium*. Outras metodologias, como o MLSA (*Multilocus Sequence Analysis*), estão sendo utilizadas para elucidar esses casos, com bons resultados. Neste trabalho, 15 estirpes de *Bradyrhizobium* sem posicionamento taxonômico claro foram utilizadas em estudos de filogenia e taxonomia com base na técnica de MLSA. Para isso, quatro genes *housekeeping* foram sequenciados, resultando em uma sequência concatenada, que foi utilizada para a construção de uma árvore filogenética, que foi comparada com a árvore do gene 16S rRNA. Das 15 estirpes, oito agruparam com a espécie *B. pachyrhizi*, enquanto as SEMIAS 6159 e 6480 ocuparam posições isoladas, e dois grupos (SEMIAS 6399 e 6404, e SEMIAS 690, 1153 e 1190) não apresentaram semelhança genética com nenhuma espécie descrita. Esses grupos merecem estudos mais detalhados, pois apresentam grande potencial de representarem espécies novas. As estirpes SEMIAS 690, 1153 e 1190 foram selecionadas para estudos visando a descrição de uma nova espécie, tendo início um estudo polifásico (análises genéticas, fenotípicas e filogenéticas). Dos resultados obtidos até o presente momento, o perfil de BOX-PCR agrupou as estirpes com mais de 73% de similaridade entre si, e inferiores a 66% com as espécies já descritas. Os testes fenotípicos (fontes de carbono, testes morfológicos, condições de crescimento) são congruentes entre as estirpes representantes das novas espécies e as demais análises necessárias para descrição de espécies procarióticas estão em andamento. Os resultados obtidos confirmam que a técnica de MLSA é eficiente para estudos filogenéticos de procariotos, mostrando ser uma forma segura e rápida de análise da diversidade dos gêneros e identificação de possíveis novas espécies.

Palavras-chave: *Bradyrhizobium*, Fixação biológica do nitrogênio, MLSA, Taxonomia de rizóbios