

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR REP-PCR DE ISOLADOS DE *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans*

Leila Garcês de Araújo¹; Bruna Alícia Rafael de Paiva²; Tereza Cristina de Oliveira Borba³;
Márcio Vinícius de Carvalho Barros Côrtes³; Adriane Wendland³.

¹ Professora Adjunto 3, Departamento de Genética - Instituto de Ciências Biológicas, UFG/ Goiânia-GO/Brasil. – email: leilagarcesaraujo@gmail.com; ² Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas (UFG) e doutoranda em fitopatologia – UNB/Brasília-DF/Brasil, ³ Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás -GO/Brasil.

O crestamento bacteriano comum, causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap) e *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans* (Xff), é uma das doenças bacterianas mais importantes do feijoeiro. No manejo integrado de doenças, a resistência genética é a principal medida de controle, e para obtenção de cultivares resistentes é necessário conhecer a diversidade genética do patógeno. O objetivo foi estudar a diversidade genética das populações de Xap e Xff usando rep-PCR, relacionando a diversidade genética com sua distribuição geográfica em regiões produtoras de feijoeiro no Brasil. Foram obtidos 42 isolados de Xap e Xff, e quatro isolados de *Xanthomonas* não patogênicas ao feijoeiro, oriundos dos estados de São Paulo, Goiás, Paraná e Rio Grande do Sul. Os iniciadores ERIC, BOX e REP foram utilizados separadamente para amplificação do DNA dos isolados. A reação foi realizada com auxílio do Kit de PCR multiplex (QIAGEN®). No produto amplificado foi adicionado corante azul de bromofenol e SYBR gold e procedeu-se a eletroforese em gel de agarose 1,5 %. Foi realizada uma análise haplotípica, sendo que cada isolado recebeu um haplótipo combinado binário, em que todos os locos amplificados estão representados. A frequência haplotípica foi calculada com auxílio do programa Excel 2010, e a construção do dendrograma foi utilizada a matriz de similaridade gerada no algoritmo UPGMA no programa computacional DARwin 5.0. Os perfis genéticos obtidos pelos primers BOX, ERIC e REP geraram 12 haplótipos combinados (HC), em que o HC 3, específico de Xff, foi mais frequente nos estados do PR e GO, porém não foi identificado no RS. No Rio Grande do Sul, também foi observada a maior diversidade genética, pois cada isolado representou um haplótipo distinto. O dendrograma gerado através da análise conjunta mostrou que Xap, Xff e isolados não patogênicos foram geneticamente distintos. O primeiro grupo foi constituído apenas de isolados de Xap, enquanto o segundo apresentou todos isolados Xff e um isolado Xap (Xap 150). A similaridade dos isolados Xff foi mais evidente que aqueles de Xap. O terceiro grupo foi formado por isolados não patogênicos ao feijoeiro. Os resultados deste estudo fornecem informações sobre a diversidade dos patógenos e auxiliará na melhor identificação e caracterização de germoplasma resistente.

Palavras-chave: feijoeiro-comum; crestamento bacteriano comum; rep-PCR; diversidade