



V SIMPÓSIO DE BIOQUÍMICA E BIOTECNOLOGIA  
05 a 07 de agosto de 2015, Londrina – PR

## Estudo das Relações Filogenéticas de Estirpes de Rizóbios através da Metodologia *Multilocus Sequence Analysis* (MLSA) com Identificação de Espécies Novas

**Luisa Caroline Ferraz Helene<sup>1,2</sup>, Jakeline Renata Marçon Delamuta<sup>1,2</sup>, Renan Augusto Ribeiro<sup>1,2</sup>, Mariangela Hungria<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup>Embrapa Soja, Lab. Biotecnologia do Solo, Cx. Postal 231, 86001-970, Londrina, PR, Brasil. Email: lully\_verdevale@hotmail.com; <sup>2</sup>Universidade Estadual de Londrina, Cx. Postal 10001, 86051-990, Londrina, PR.

**Introdução:** Os microrganismos são muito utilizados hoje em dia, fazendo parte de diversos produtos do nosso cotidiano, variando de alimentos até produtos de tratamento ambiental. O estudo dos organismos vivos gerou uma necessidade de se identificar e classificar os animais e plantas em grupos relacionados, inferindo nomes a eles. Hoje, os parâmetros utilizados para elucidar a filogenia entre os microrganismos envolvem a análise de moléculas biológicas amplamente distribuídas entre eles em conjunto com a caracterização morfofisiológica dos indivíduos. Em análises biomoleculares conhecidas como *Multilocus Sequence Analysis* (MLSA), os cientistas têm utilizado sequências concatenadas dos chamados genes *housekeeping* como marcadores filogenéticos, comparado também com dados dos genes isolados e do gene 16S RNAr. **Métodos:** Doze estirpes do gênero *Bradyrhizobium* sem posicionamento taxonômico definido foram utilizadas neste estudo de filogenia e taxonomia utilizando a técnica de MLSA. Para a montagem das sequências concatenadas três genes *housekeeping* (*glnII*, *gyrB* e *recA*) foram sequenciados, alinhados, cortados e concatenados em uma só sequência. O gene 16S RNAr também foi sequenciado para montagem de uma árvore filogenética. Todas as árvores foram construídas com estirpes tipos de espécies do gênero. **Resultados:** As árvores mostraram que sete das doze estirpes são relacionadas à estirpe de *B. pachyrhizi*. As SEMIAs 6399 e 6404 estão isoladas de espécies já descritas, representando um grupo novo. A identidade nucleotídica mostrou que a maior similaridade entre o grupo e as estirpes tipos no MLSA foi de 95,3%, com *B. pachyrhizi*, e entre as demais SEMIAs 95,8%, valores abaixo do corte utilizado para mesma espécie, confirmando a presença de um novo grupo. **Conclusão:** Outras análises biomoleculares serão conduzidas para confirmar a presença de uma nova espécie, como BOX-PCR, Hibridação DNA-DNA e ANI e, posteriormente, testes morfofisiológicos poderão concluir a análise polifásica, sugerindo a classificação da nova espécie.

**Agência(s) de fomento:** CAPES

**Palavras-chave:** *Bradyrhizobium*, rizóbios, MLSA, taxonomia de rizóbios.

Universidade Estadual de Londrina - Rodovia Celso Garcia Cid, Pr 445, Km 380 - Campus  
Universitário Caixa Postal 10.011 CEP 86057-970 Centro de Ciências Exatas - Departamento de  
Bioquímica e Biotecnologia Fone +55 (43) 3371.4270 - biq@uel.br