

Diversidade genética de isolados de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* da Coleção de Microrganismos Multifuncionais da Embrapa Arroz e Feijão/Genetic diversity of *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* isolates from Multifunctional Microorganisms Culture Collection of Embrapa Arroz e Feijão. Oliveira, MIS¹; Côrtes, MVCB²; Wendland, A². ^{1,2}Doutoranda em Inovação Farmacêutica – ¹UFG, Goiânia, GO, Brasil. ²Embrapa Arroz e Feijão, CP 179, Santo Antônio de Goiás, GO, Brasil. e-mail: maythsulene@gmail.com, adriane.wendland@embrapa.br.

A resistência genética tem sido o meio mais eficiente no controle da murcha-de-curtobacterium, doença causada pela bactéria *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (*Cff*). Portanto, conhecer a diversidade genética do patógeno é essencial para programas de melhoramento do feijoeiro. O presente trabalho objetivou caracterizar a variabilidade de 23 isolados de *Cff* oriundos do Paraná, Goiás, Santa Catarina e São Paulo (Coleção de Microrganismos da Embrapa Arroz e Feijão) por meio da técnica rep-PCR. Os isolados de *Cff* utilizados nesse estudo foram cultivados em placas de Petri com Ágar nutriente e incubados por 48 horas a 28 °C. Posteriormente foram submetidos à extração e amplificação do DNA com os iniciadores ERIC, REP e BOX. A separação dos produtos da PCR foi realizada em gel de agarose 1%. Os perfis de DNA foram marcados pela presença/ausência de bandas, gerando uma matriz de dados binários. A análise de agrupamento foi obtida pela combinação de dados dos iniciadores e o dendrograma foi gerado utilizando-se o coeficiente de Jaccard. A similaridade alcançada entre os isolados foi de aproximadamente 70%, organizando-os em dois grupos distintos. Isto indica a existência de diversidade genética dentro da espécie. Isolados procedentes do mesmo Estado e/ou mesma região nem sempre se encontram no mesmo ramo filogenético, o que sugere heterogeneidade genética entre os isolados avaliados.

Palavras-chave: *curtobacterium*, Rep-PCR