

Avaliação de marcadores RAPD para estudo de diversidade de bactérias associadas ao sintoma de requeima da mandioca

Daniela de Souza Nascimento¹; Laís Barreto de Oliveira²; Ana Claudia Oliveira Barbosa¹; Maria Selma Alves Silva Diamantino²; Claudia Fortes Ferreira³, Saulo Alves Santos de Oliveira³.

¹ Estudante de Licenciatura em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, dany Souza90@hotmail.com; aina-cob2@hotmail.com;

² Estudante de pós-graduação da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, boliveira.lais@gmail.com

³ Bolsista de Pós-Doutorado da Embrapa Mandioca e Fruticultura, mariaselmasd@hotmail.com

³ Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, caludia.ferreira@embrapa.br; saulo.oliveira@embrapa.br.

O cultivo da mandioca tem grande importância econômica e social. Suas raízes ricas em carboidratos são usadas para a alimentação animal e humana em diversos países. Entretanto, algumas doenças afetam a cultura, causando assim grandes perdas na produtividade, como é o caso da requeima ou bacteriose da mandioca. Esta doença é causada pela bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis*, sendo considerada um dos principais problemas da cultura no Brasil, capaz de infectar toda a parte aérea da planta, incluindo folhas e hastes em qualquer estágio do seu desenvolvimento. A medida de controle mais eficiente é por meio do uso de variedades resistentes. Entretanto, o conhecimento prévio da diversidade genética da bactéria e sua distribuição tem se revelado peça chave para a obtenção de genótipos resistentes aos diferentes patótipos da bactéria, uma vez que diferentes genótipos da bactéria podem interagir diferentemente com as variedades. Para tanto, avaliou-se o uso da técnica RAPD, que consiste na amplificação do DNA utilizando iniciadores (primers) de sequência arbitrária, com o objetivo de identificar marcadores com potencial de amplificação para o maior número de isolados de mandioca e com elevado nível de polimorfismo. Para avaliação dos marcadores RAPD foram utilizados 20 isolados de bactéria e nove iniciadores (OPAA03; OPAA06; OPAA07; OPAA09; OPAA12; OPAA16; OPAA17; OPAB05 e OPAB17). As bactérias foram crescidas em placas de Petri com meio YPG, por 24h a 28 °C, sendo a extração do DNA total realizada por aquecimento das colônias a 95 °C por 15 minutos em termociclador. Oito dos nove iniciadores apresentaram bom padrão de amplificação, sendo que apenas o primer OPAA03 não foi capaz de amplificar nenhum fragmento dos isolados testados. Dentre todos os iniciadores testados os que apresentaram melhor padrão de amplificação foram OPAA07 e OPAB05, ambos com amplificação em 85% dos isolados testados e com 16 locos polimórficos, seguidos por OPAA16 e OPAA17 (80%), OPAA06 (70%), OPAA09 (60%). Os iniciadores que obtiveram baixo padrão de amplificação foram OPAB17 (40%) e OPAA12 (20%). Desta forma, os iniciadores RAPD foram eficientes na análise de diversidade. No entanto, para maior confiabilidade dos resultados serão realizadas as mesmas análises em um número maior de isolados.

Significado e impacto do trabalho: A bacteriose da mandioca, causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis* (Xam), é uma doença extremamente destrutiva, afetando de forma direta a parte aérea da planta (folhas e manivas) e, de forma indireta, a produção de raízes. A avaliação de ferramentas moleculares é fundamental para subsidiar estudos futuros de diversidade genética da bactéria, em suporte ao melhoramento de plantas.