

COMPARAÇÃO DE REGIÕES NÃO CONSERVADAS DO ‘CLUSTER’ RPF (REGULATOR OF PATHOGENICITY FACTORS) EM PATOVARES DE *X. CAMPESTRIS* E DIFERENTES ESPÉCIES DE *XANTHOMONAS*.

^{1,2}Souza, AA; ²Takita, MA; ²Coletta-Filho, HD; ²Astua-Monge, G; ³Destéfano, SAL; ²Machado, MA

1. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; 2. Centro APTA Citros ‘Silvio Moreira’- IAC;
3. Instituto Biológico/Campinas.

alessandra@centrodeciticultura.br

A síntese de exoenzimas e exopolissacarídeos em *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc) é regulada por um ‘cluster’ de genes denominados RPF (regulator of pathogenicity factor). Mutações de alguns destes genes resultam, como consequência, em diminuição da virulência. Análise comparativa do genoma da *Xanthomonas axonopodis* pv. *citri* (Xac) e Xcc mostra algumas diferenças dentro desse ‘cluster’, principalmente na região das *orf1*, *orf2*, *orf3*, e *rpf1* em Xcc, enquanto Xac apresenta apenas *orf3* seguida por duas transposases. Em outra região observa-se ausência de *rpfH* em Xac. Com o objetivo de verificar a presença ou ausência destas ‘orfs’ em patovares de *X. campestris* (Xc) e em outras espécies de *Xanthomonas* foram amplificadas as *orf1*, *orf2*, *orf3* e *rpfH* de 7 patovares distintos de Xc e 13 outras espécies de *Xanthomonas*. Constatou-se a presença de *orf3* em todos os patovares e espécies de *Xanthomonas*. Dados publicados demonstram que mutações em *orf3* em Xcc não parecem resultar em alterações na síntese de exoenzimas e EPS. Contudo, a presença desta ORF em todas as espécies avaliadas sugere que este gene deve ter algum papel funcional dentro do ‘cluster’. As orfs 1 e 2 foram detectadas apenas em 5 dos 7 patovares testados, sugerindo que estas orfs possam ter funções relacionadas a patogenicidade somente de *X. campestris*. O gene *rpfH* foi detectado apenas em 3 patovares de Xc e em *Xanthomonas visicatoria*. Em Xcc *rpfG*, H e C participam de um sistema de transdução de sinais em resposta a estímulos ambientais. RpfH apresenta alta similaridade com a região amino-terminal de RpfC, sugerindo que em outras *Xanthomonas* a ausência de *rpfH* pode ser suprimida por *rpfC*. Os resultados obtidos demonstram que há alterações estruturais dentro do ‘cluster’ RPF, e que estas alterações são mais evidentes entre espécies. Maior similaridade foi observada entre os patovares de *X. campestris*.

Apoio financeiro: Fundag, Fapesp, CNPq