

Beth Fay

ANAIS DO
*II Simpósio de Recursos Genéticos
para América Latina e Caribe*
SIRGEALC
21 a 26 de Novembro de 1999

Índice de Autores

Palestras e Mesas Redondas

Resumos

Voltar

Duarte, K. M. R.	<u>010</u>
Ducroquet, J. P.	<u>193</u>
Dutra, G. M.	<u>174</u>
Duval, M. F.	<u>109, 249</u>
Egito, A.A.	<u>033, 034, 036</u>
Eira, M. T. S.	<u>213</u>
Evangelista, C.	<u>050</u>
Faiad, M. G. R.	<u>078, 079, 082, 083, 199, 201, 203, 211, 212, 227, 255</u>
Fay, E. F.	<u>003</u>
Fazuoli, L.C.	<u>075, 076, 128, 129, 147, 213</u>
Ferreira, D. N.G.	<u>078, 079</u>
Ferreira, F. R.	<u>062, 109, 187, 249</u>
Ferreira, J. L. C.	<u>070</u>
Ferreira, M. A.	<u>101</u>
Ferreira, M. A. J. da F.	<u>072, 089, 101, 105</u>
Ferreira, M. E.	<u>101, 107, 109, 110, 120, 121, 126, 157, 249</u>
Ferreira, W. D.	<u>183</u>
Fialho, J. de F.	<u>063, 183, 185, 186, 191</u>
Figueiredo Neto, A.	<u>153, 199</u>
Flaresso, J. A.	<u>108</u>
Flechtmann, C. H. W.	<u>236</u>
Florido, M.	<u>160</u>
Fonseca, J. R.	<u>111</u>
Fonseca, J. N. L.	<u>226, 228, 232</u>
Fortes, A. L. M.	<u>196</u>
Franco, J.	<u>116</u>
Freire Filho, F. R.	<u>082, 144</u>
Freire, M. S.	<u>082, 083, 111</u>
Freitas, A. R.	<u>031</u>
Fuchs, M.	<u>095</u>
Fuenmayor, F.	<u>095, 163</u>
Fukuda, W. M. G.	<u>132, 180, 185, 186</u>
Gagliardi, R.F.	<u>176</u>
Gaiotto, F. A.	<u>133, 137, 156</u>
Gallego, J.	<u>035</u>
Gallo, P. B.	<u>128</u>
Gama, F. C.	<u>099</u>

CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS DEGRADADORAS DO FUNGICIDA CLOROTALONIL

E. F. FAY (bethfay@cnpma.embrapa.br); C. M. M. de S. SILVA; I. S. de MELO

Embrapa Meio Ambiente

Incluí

O clorotalonil (tetracloroisoftalonitrila) é um fungicida de amplo espectro, usado no controle de patógenos, existindo relatos na literatura sobre sua degradação microbiológica. Microrganismos degradadores de clorotalonil, isolados de solo latossolo vermelho-escuro, provenientes do município de Guaíra, S.P., foram caracterizados através da metodologia convencional (morfologia e testes bioquímicos) e molecular (análise filogenética de seqüências parciais de rDNA 16S), a metodologia de caracterização taxonômica convencional é baseada na análise comparativa de caracteres morfológicos de colônia, de células e de características fisiológicas e bioquímicas da linhagem pura com a descrição de linhagens de acordo com a literatura de referência. O sequenciamento de rDNA 16S consistiu na extração de DNA genômico das amostras bacterianas e amplificação do rDNA 16S através da metodologia de PCR, utilizando um par de primers específicos para esse gene. As seqüências parciais de rDNA 16S obtidas (aproximadamente 500 bases) foram comparadas com os dados dos organismos representados nas bases de dados do sistema de identificação de microrganismos MicroSeq (Perkin Elmer) e do RPD, empregando: análise da distância genética, análise filogenética com algoritmo de neighbour-joining, análise da similaridade com escores de S_{AB} . Através da análise micro-morfológica e morfológica da colônia dos isolados foi possível determinar que seis dos sete organismos selecionados pertenciam ao grupo de actinomicetos, os quais foram encaminhados para identificação em nível de espécie através da análise de seqüência do rDNA 16S. Na análise na base de dados do RPD estes organismos foram identificados como: *Arthrobacter nocotinovorans*, *A. globiformis*, *A. ilicis* e *A. ureafaciens*.

Palavras-chave: Degradação, actinomicetos, caracterização molecular