

Oral / Poster789-1 **TAXONOMIA E FILOGENIA DE ESTIRPES DE *Bradyrhizobium* COM BASE NA METODOLOGIA DE MLSA (MULTILOCUS SEQUENCE ANALYSIS)**

Autores: Jakeline Renata Marçon Delamuta (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa AgropecuáriaUEL - Universidade Estadual de Londrina) ; Renan Augusto Ribeiro (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Pâmela Menna (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Mariangela Hungria (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa AgropecuáriaUEL - Universidade Estadual de Londrina)

Resumo

O gênero *Bradyrhizobium* compreende um grupo diverso de bactérias com capacidade de estabelecer simbiose com plantas da família Leguminosae. Estudos com *Bradyrhizobium* têm demonstrado diversidade genética elevada, principalmente com estirpes isoladas em regiões tropicais. A análise do gene ribossomal 16S (16S RNAr) tem sido a principal ferramenta utilizada em estudos de diversidade, taxonomia e filogenia bacteriana, mas devido ao alto nível de conservação da sequência nucleotídica deste gene, as informações obtidas podem limitar a determinação de novas espécies, como é o caso do gênero *Bradyrhizobium*. Desse modo, a metodologia de MLSA (*Multilocus Sequence Analysis*) tem sido recentemente proposta como uma ferramenta complementar em estudos de filogenia e taxonomia, bem como de diversidade em procariotos. Estudos prévios com as estirpes de *Bradyrhizobium* utilizadas neste trabalho levantaram a hipótese de existência de novas espécies. Utilizando a metodologia de MLSA, o objetivo do presente trabalho foi elucidar as relações filogenéticas de 12 estirpes de *Bradyrhizobium* e, assim, determinar com maior precisão sua posição taxonômica. Além do gene 16S RNAr, outros cinco genes *housekeeping* foram utilizados (*atpD*, *glnII*, *gyrB*, *recA* e *rpoB*). A árvore filogenética resultante da análise do MLSA dividiu as estirpes em dois grandes grupos, detectando subgrupos bem definidos e dando maior suporte à descrição de novas espécies. O primeiro grande grupo incluiu as estirpes tipo de *B. japonicum*, *B. liaoningense*, *B. yuanningense*, *B. betae* e *B. canariense* e o segundo grande grupo incluiu a estirpe tipo de *B. elkanii* USDA 76T. Uma grande diversidade foi observada na árvore filogenética do gene *atpD*, com a formação de um terceiro grande grupo formado por quatro estirpes e as estirpes tipo de *B. betae* LMG 21987T e *B. liaoningense* LMG 18230T. Os resultados obtidos demonstram uma diversidade genética elevada entre as estirpes do gênero *Bradyrhizobium* utilizadas em inoculantes comerciais para diversas leguminosas no Brasil, confirmando a existência de possíveis novas espécies. A técnica de MLSA também demonstrou ser um método rápido e eficaz em estudos de filogenia e taxonomia de *Bradyrhizobium*.