Resumo 16

DOI: 10.31368/1980-6221c00162020

DIVERSIDADE GENÉTICA DE PATOVARES DE *Xanthomonas campestris* PATOGÊNICAS À CRUCÍFERAS. SANTOS, E.M.*; DESTEFANO, S.A.L.; BERIAM, L.O.S. Instituto Biológico, Centro Avançado de Pesquisa em Proteção de Plantas e Saúde Animal/CAPSA, Laboratório de Bacteriologia Vegetal, Alameda dos Vidoeiros 1097, CEP 13.101-680, Campinas, SP, Brasil. E-mail: eliezerm298@gmail.com. ***Genetic diversity of *Xanthomonas campestris* pathovars pathogenic to crucifers.***

Xanthomonas campestris é responsável pela doença denominada podridão negra, causadora de perdas significativas para o cultivo de hortaliças do gênero Brassica (couve, couve-flor, brócolis, repolho, nabo, rabanete, entre outros). Essa doença assume grande importância na produção das brássicas devido ao fato de que a bactéria é transmitida a longas distâncias pelas sementes contaminadas, onde 0,03% de infestação podem resultar em epidemia no campo. A bactéria invade o sistema vascular da planta através das nervuras, resultando em diferentes sintomas como lesões típicas em “V” invertido, lesões angulares, crestamentos, pústulas ou manchas irregulares. O presente projeto teve por objetivo avaliar a diversidade genética dos diferentes patovares de *X. campestris* (*aberrans*, *armoeraciae*, *barbariae*, *campestris*, *incanae* e *raphani*) utilizando como marcador molecular o gene *rpoB* (subunidade beta da RNA polimerase). A extração de DNA foi realizada de acordo com a metodologia descrita por Pitcher et al. (1989). Para as amplificações do gene *rpoB* utilizou-se o par de *primers* rpoB2F/3R. Inicialmente, os produtos obtidos (aproximadamente 1.000 pares de bases) foram digeridos com as enzimas de restrição *Afa* I, *Alu* I, *Cfo* I, *Dde* I, *Hae* III, *Hpa* II, *Hinf* I, *Hsp92* II, *Mbo* I ou *Taq* I. Entretanto, verificou-se que nas digestões com a enzima *Cfo* I foram verificados perfis muito semelhantes entre *X. c. pv. aberrans* e *X. c. pv. campestris* e entre *X. c. pv. barbarae* e *X. c. pv. raphani*. Desta forma, decidiu-se realizar digestões duplas: *Cfo* I/*Afa* I; *Cfo* I/*Mbo* I; *Cfo* I/*Alu* I e os melhores resultados foram obtidos com a combinação *Cfo* I/*Alu* I, que possibilitou a diferenciação de todos os patovares de *X. campestris* estudados, com exceção de dois patovares que apresentaram o mesmo perfil de restrição com todas as enzimas testadas (*X. c. pv. aberrans* e *X. c. pv. campestris*). Além desse resultado, podemos considerar a importância do gene *rpoB* para a identificação desses microrganismos. Concluindo, são necessários estudos para o conhecimento infraespecífico de *X. campestris* e para o esclarecimento da ocorrência ou não dos diferentes patovares no Brasil. Essas informações serão fundamentais para pesquisas de melhoramento genético das brássicas e para o estabelecimento de medidas fitossanitárias reguladoras, que têm por finalidade a adoção de novos critérios e/ou normas de intercâmbio de materiais vegetais (sementes) e introduções (acessos de bancos de germoplasma).

*Bolsista PIBIC/CNPq/IB