Resumo 17

DOI: 10.31368/1980-6221c00172020

AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Pseudomonas syringae* pv. *garcae* EM CAFEEIRO. BUENO, B.I.*; DESTEFANO, S.A.L. Instituto Biológico, Centro Avançado de Pesquisa em Proteção de Plantas e Saúde Animal/CAPSA, Laboratório de Bacteriologia Vegetal, Alameda dos Vidoeiros, 1097 - Sítios de Recreio Gramado, Campinas - SP, CEP 13101-680. E-mail brunaisabelebueno@outlook.com. ***Evaluation of the genetic diversity of *Pseudomonas syringae* pv. *garcae* in coffee.***

A ampla diversidade de regiões onde são realizadas a cafeicultura, a variedade de ambientes, climas, altitudes, latitudes e relevos possibilitam ao país produzir diversos tipos de grãos atendendo diferentes paladares e preços aos seus consumidores, e movimentando bilhões de dólares por ano (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2017). No Brasil a cultura do café enfrenta desafios constantes, incluindo as doenças bacterianas responsáveis pela redução na produção de café. Dentre as principais fitobacterioses encontramos a mancha aureolada causada por *Pseudomonas syringae* pv. *garcae*. Os sintomas são caracterizados por lesões foliares de coloração parda, que podem ou não ser acompanhados por halo amarelado, seca de ramos e lesões nas rosetas, inflorescências e frutos novos, provocando, posteriormente, a desfolha de ramo. O presente estudo teve por objetivo caracterizar a diversidade genética deste fitopatógeno, por rep-PCR, a partir de linhagens isoladas de cafeeiros de diferentes regiões produtoras do país. Inicialmente, 73 linhagens isoladas foram autenticadas por meio de biologia molecular utilizando-se o par de *primers* Psg3F/rpoDR, específico para *P.s.* pv. *garcae* e com fragmento de amplificação esperado de 275 pares de bases (pb). Após a confirmação da identidade das linhagens, realizou-se o experimento de ERIC-PCR utilizando os *primers* ERIC 1R/ERIC 2 e, preliminarmente, foi verificada alta diversidade entre os isolados, não se observando qualquer correlação entre local ou data de isolamento. A diversidade genética também será realizada por BOX-PCR e REP-PCR para, posteriormente, se realizar a análise conjunta dos padrões de *fingerprinting*. As linhagens estão depositadas na Coleção de Culturas de Fitobactérias do Instituto Biológico (IBSBF).