

459

**CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA, COM UTILIZAÇÃO DA TÉCNICA DE REP-PCR, DE DUAS POPULAÇÕES DE BRADIRRIZÓBIOS ISOLADAS EM LAVOURAS DE SOJA (GLYCINE MAX (L.) MERRIL) NO SUL DO BRASIL.** Adriana Ambrosini da Silveira, Adriana

Giongo, Luciane Maria Pereira Passaglia (orient.) (UFRGS).

A caracterização das bactérias fixadoras de nitrogênio é fundamental para os estudos relacionados à diversidade e à distribuição ecológica desses microrganismos nos ambientes em que esses se encontram. O uso de técnicas moleculares tem estimulado o desenvolvimento de métodos simples e rápidos para a caracterização de populações microbianas, inclusive para a identificação de gênero, espécie e até mesmo de estirpe. Essa caracterização pode ser realizada pela amplificação de seqüências específicas de DNA (PCR) dependendo dos oligonucleotídeos iniciadores (*primers*) utilizados. Uma variação da técnica de PCR está baseada na utilização de *primers* correspondentes a seqüências repetitivas de consenso dispersas no genoma das eubactérias, como as seqüências BOX, que geram padrões característicos. Assim, é possível a obtenção de uma boa discriminação das amostras ao nível de estirpe desejado. As estirpes de bradirrizóbios que nodulam soja (*Glycine max*), *Bradyrhizobium elkanii* SEMIA 587 e 5019 e *B. japonicum* SEMIA 5079 e 5080, foram usadas como padrões para essas duas espécies, uma vez que são utilizadas comercialmente nas lavouras de soja do Brasil. Trinta linhagens bacterianas, obtidas de lavouras de duas regiões distintas do Estado (Região Central, Ibirubá; Região Noroeste, Vacaria), foram isoladas, caracterizadas morfológicamente e comparadas genotipicamente com as linhagens-padrão acima citadas pela análise das seqüências BOX. Os produtos de PCR foram analisados em géis de poliacrilamida 8% corados com nitrato de prata. O perfil de bandas obtidos no gel foi transformado em uma matriz binária, onde a similaridade/dissimilaridade genética entre os isolados foi medida pelo coeficiente de *Jacard* e analisada pelo programa NTSYS. Um dendrograma foi obtido pelo método de agrupamento UPGMA, através do programa SAHN CLUSTERING do NTSYS. Os padrões gerados por PCR mostraram-se eficientes na discriminação dos isolados obtidos em relação às estirpes-padrão. Apoio: CNPq.