

## CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA DE BACTÉRIAS PERTENCENTES AO GÊNERO *Bradyrhizobium* ORIUNDOS DE NÓDULOS DE *Inga laurina* (Sw.) Willd.

Krisle da Silva, Luc Felicianus Marie Rouws, Eliane do Nascimento Cunha Farias, Marco Antônio Oliveira dos Santos, Rosa Maria Pitard, Jerri Édson Zilli.

Embrapa RR, Rodovia BR-174 8 km, Distrito Industrial, 69301-970, Boa Vista-RR, [krisle.silva@embrapa.br](mailto:krisle.silva@embrapa.br); Embrapa Agrobiologia, Rodovia BR 465, Km 7, CEP: 23890-000, Seropédica-RJ; Universidade Estadual de Roraima, Rua Sete de Setembro, 231, Canarinho, 69306-530, Boa Vista – RR.

As espécies de leguminosas arbóreas em simbioses com bactérias denominadas rizóbios são de grande importância para o desenvolvimento vegetal e a melhoria do ambiente, uma vez que favorecem macronutrientes essenciais a fertilidade do solo. O gênero *Inga* (Leguminosae, Mimosoideae) é uma leguminosa que estabelece simbiose com bactérias fixadoras de nitrogênio, possui cerca de 300 espécies e pode ser utilizado tanto para a alimentação de animais, quanto na agricultura para elevar a entrada de nitrogênio, por exemplo, em sistemas agroflorestais. Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar genotipicamente seis isolados obtidos a partir de nódulos de *Inga laurina* (Sw.) Willd. A caracterização foi realizada em seis isolados representativos de uma coleção de 17 bactérias isoladas de nódulos de *I. laurina* coletados em Roraima e que estão mantidos na Coleção de Microrganismos Multifuncionais da Embrapa Roraima. Todos os isolados apresentaram características típicas de *Bradyrhizobium*, isto é, colônias brancas, reação alcalina no meio de cultura e crescimento lento. O DNA genômico foi extraído utilizando-se o kit RBC (Bioamerica) seguindo a instruções do fabricante. A caracterização genotípica foi realizada através BOX-PCR e amplificação e sequenciamento dos genes 16S rDNA e *rpoB*. A análise do BOX-PCR foi realizada no programa Bionumerics 7.01., utilizando o algoritmo UPGMA e a correlação de Pearson. As árvores filogenéticas do gene 16S rDNA e *rpoB* foram construídas utilizando os métodos de neighbor-joining e máxima verossimilhança. A análise do BOX-PCR revelou que os isolados representam estirpes geneticamente distintas. O sequenciamento do gene 16S rDNA confirmou que todos os isolados pertencem a gênero *Bradyrhizobium*. A análise filogenética dos seis isolados demonstrou que estes se agruparam ao próximos a estirpes tipo de *Bradyrhizobium iriomotense* EK05<sup>T</sup>, com similaridade de 99,8%. A análise do gene *rpoB* foi similar ao observado para o gene 16S rDNA, ficando os isolados próximos à estirpe tipo de *B. iriomotense* EK05<sup>T</sup>, mas formando um grupo distinto, com 96,3% de similaridade em suas sequências. Estes resultados indicam que os isolados representam uma nova espécie *Bradyrhizobium*.

Palavras chaves: Fixação biológica de nitrogênio; BOX-PCR; 16S rDNA; *rpoB*.  
Apoio financeiro: EMBRAPA.