

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ESTIRPES DE *Bradyrhizobium* ISOLADAS DE DIFERENTES ESPÉCIES LEGUMINOSAS E SISTEMAS DE USO DA TERRA

Amanda Azarias Guimarães^a, Ligiane Aparecida Florentino^a, Kize Alves Almeida^a, Liesbeth Lebbe^b, Karina Barroso Silva^a, Anne Willems^b, Fatima Maria de Souza Moreira^a

^aSetor de Biologia, Microbiologia e Processos Biológicos do Solo, Departamento de Ciência do Solo, Departamento de Ciência do Solo, Universidade Federal de Lavras, Campus UFLA, Caixa Postal 3037, CEP 37200-000, Lavras, Minas Gerais, Brazil; ^bLaboratory of Microbiology, Dept. Biochemistry and Microbiology, Ghent University, K.L. Ledeganckstraat 35, B-9000 Ghent, Belgium. E-mail: amandaazarias@gmail.com

O gênero *Bradyrhizobium* se destaca entre os gêneros de bactérias fixadoras de nitrogênio que nodulam leguminosas por predominar entre os microssimbiontes eficientes de espécies florestais, forrageiras e de adubação verde, além de importantes espécies de grãos, como a soja, caupi e amendoim. Tem sido verificado alta diversidade dentro desse gênero, no entanto, quando a análise filogenética é realizada somente por meio do sequenciamento do gene 16S rRNA essa diversidade é relativamente baixa. Dentro deste contexto, objetivo desse trabalho foi caracterizar geneticamente 50 estirpes do gênero *Bradyrhizobium* isoladas de diferentes espécies de leguminosas e usos da terra. Para melhor caracterizar essas estirpes, foram sequenciados os fragmentos internos de cinco genes *housekeeping* (*atpD*, *dnaK*, *gyrB*, *recA*, e *rpoB*). Posteriormente, realizou-se a análise filogenética individual de cada gene que mostrou a formação de grupos separados das espécies descritas até o momento. Foram verificados cinco grupos diferentes de estirpes (I, II, III, IV e V), com exceção do gene *dnaK* e *rpoB* que apresentaram somente três grupos. O gene *dnaK* não mostrou diferença entre as estirpes pertencentes aos grupos III, IV, e V, sendo o gene que apresentou menor diversidade, enquanto o gene *atpD* foi o que apresentou maior diversidade entre as estirpes estudadas. A partir desses resultados podemos inferir que dentre as estirpes estudadas existem espécies potencialmente novas e que os vários solos e ecossistemas no Brasil podem abrigar uma diversidade ainda desconhecida de rizóbios.

Palavras-chave: Microbiologia do Solo, Bactérias fixadoras de nitrogênio, Taxonomia, *Housekeeping* genes.

Apoio financeiro: FAPEMIG, CAPES, CNPQ.