



ISBN 978-85-66836-16-5

VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* NO ESTADO DE PERNAMBUCO / Genetic variability of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in the state of Pernambuco. E.A. MELO<sup>1</sup>; K.C.S. FELIX<sup>1</sup>; A.M.F. SILVA<sup>1</sup>; E.S.G. MIZUBUTI<sup>2</sup>; R.L.R. MARIANO<sup>1</sup>; E.B. SOUZA<sup>1</sup>. <sup>1</sup> Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, 52171-900, Recife, Brasil / <sup>2</sup> Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa, 36571-000, Viçosa, Brasil. E-mail: elineidebs@yahoo.com.br

A podridão negra causada por *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* é uma das principais doenças que afetam as brássicas em todas as regiões produtoras do Brasil. A falta de conhecimento sobre a variabilidade da bactéria e sua distribuição geográfica dificulta a implementação do controle da doença. O objetivo da pesquisa foi analisar a variabilidade genética de populações de isolados de *X. campestris* pv. *campestris* de diferentes municípios no estado de Pernambuco. Foram utilizados 159 isolados oriundos dos seis principais municípios produtores de brássicas (couve-comum, brócolis, repolho e couve-flor) no estado, localizados nas mesorregiões do Agreste (Bom Jardim, Bezerros, Camocim de São Félix, Saloá e Sairé) e Mata (Chã Grande). Após a extração e quantificação de DNA, a identidade dos isolados foi confirmada pela reação de PCR utilizando os *primers* 2f/2r. A genotipagem dos isolados foi realizada pela técnica de BOX-PCR e a diversidade da população foi inferida através dos descritores gerais de diversidade. Um total de 98 haplótipos foram derivados a partir do padrão de vários locos. As maiores diversidades genotípica e gênica foram detectadas nos municípios de Chã Grande (8,81;  $H_e = 2,20\%$ ) e Bom Jardim (8,65;  $H_e = 2,18\%$ ). A fração clonal média foi de 26%, com uma variação de 15 a 32% para os municípios de Chã Grande e Camocim de São Félix. A riqueza genotípica estimada com curvas de rarefação com menor tamanho de amostra  $E(g_{10})$  variou de 7,38 até 9,34 para os municípios de Saloá e Chã Grande, respectivamente. Houve alta equitabilidade genotípica, variando de 0,88 (Bezerros, Saloá e Sairé) a 0,96 (Chã Grande e Bom Jardim). O índice de diversidade genotípica de Simpson foi menor para a população de Bezerros (0,84) e maior para Chã Grande e Bom Jardim (0,96). Os resultados aqui apresentados mostram que as populações de *X. campestris* pv. *campestris* dos principais municípios produtores de brássicas em Pernambuco possuem uma alta variabilidade genética.

**Palavras-chave:** BOX-PCR; Estudo de populações; Podridão negra.