



CARACTERIZAÇÃO BIOQUÍMICA E MOLECULAR DE LINHAGENS DE *Streptomyces* sp. PATOGÊNICAS À BATATA

Rafaella Trevisan **Scandiuzzi**¹; Bruna Isabelle **Bueno**²; Lucas **Vitor**³; Mariana Ferracin de **Macedo**⁴;
Suzete Aparecida Lanza **Destéfano**⁵

Nº 22834

RESUMO – Este trabalho teve seu início no Programa IB/PIBIC 2020-2021 visando a caracterização morfológica e bioquímica de 15 linhagens de *Streptomyces* patogênicas à batata e consideradas possíveis novas espécies fitopatogênicas do gênero. Testes moleculares preliminares utilizando a técnica de PCR-RFLP do gene *atpD* revelaram que os perfis genéticos exibidos por essas linhagens foram distintos daqueles obtidos pelas linhagens Tipo de *Streptomyces* associadas à doença e, por isso, essas linhagens foram separadas em Grupos Genéticos denominados G3, G4, G5, G7, G17 e G18. O objetivo do presente estudo foi realizar a caracterização bioquímica, fisiológica e molecular (sequenciamento do gene 16S RNA ribossomal) desses diferentes grupos. Na caracterização bioquímica verificou-se que os grupos apresentaram características bioquímicas diferentes entre si e também dentro de um mesmo grupo. Na caracterização fisiológica foram analisadas tolerância à salinidade (0 a 10%) e temperatura (5 a 40 °C) e os dados mostraram que todas as linhagens não se apresentaram dependentes de NaCl e se comportaram como mesófilas, visto que todas cresceram a partir de 10 °C e, em sua maioria, chegando até 40 °C. O sequenciamento do gene 16S RNA ribossomal revelou variação de similaridade do gene dentro de um mesmo grupo genético apontando a possibilidade de existir diferentes espécies dentro de um mesmo grupo. Os resultados indicam fortemente que essas linhagens representam novas espécies de *Streptomyces* associadas à sarna da batata ocorrendo nos campos de produção do Brasil.

Palavras-chaves: *Streptomyces* fitopatogênicas, taxonomia polifásica, gene 16S RNA ribossomal.

1 Autora, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Ciências Biológicas, PUCC, Campinas-SP; gabriellisacheto@gmail.com
2 Bolsista CNPq (PIBIC) 2020-2021: Graduação em Ciências Biológicas, PUCC, Campinas-SP.
3 Bolsista FAPESP: Doutorando pelo Programa de Pós-Graduação do Instituto Biológico.
4 Bolsista CAPES: Doutoranda pelo Programa de Pós-Graduação do Instituto Biológico
5 Orientador: Pesquisador Científico do Lab. Bacteriologia Vegetal/Instituto Biológico/CAPSA. Campinas-SP. suzete.destefano@sp.gov.br



ABSTRACT – Since 2020, this work has begun in the IB/PIBIC Program aiming at the morphological and biochemical characterization of 15 strains of *Streptomyces* pathogenic to potato and considered possible new species of the genus. Preliminary molecular assays using the PCR-RFLP technique of the *atpD* gene revealed that the genetic profiles exhibited by these strains were different from those obtained by the *Streptomyces* Type strains associated with the disease and, therefore, these strains were separated into Genetic Groups named G3, G4, G5, G7, G17 and G18. The aim of the present study was to carry out the biochemical, physiological and molecular characterization (sequencing of the 16S ribosomal RNA gene) of these different groups. In the biochemical characterization, it was verified that the groups presented different biochemical characteristics among themselves and also within the same group. In the physiological characterization, salinity tolerance (0 to 10%) and temperature (5 to 40 °C) were analyzed and the data showed that all strains were not dependent on NaCl and behaved as mesophiles, since all of them grew from 10 °C and, in most cases, reaching 40 °C. The sequencing of the 16S ribosomal RNA gene revealed variation in gene similarity within the same genetic group, indicating the possibility of different species within the same group. The results strongly indicate that these strains represent new species of *Streptomyces* associated with potato scab occurring in the fields of production in Brazil.

Keywords: Phytopathogenic *Streptomyces* species, polyphasic taxonomy, 16S ribosomal RNA gene.