

## Gama de hospedeiros de *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *allii*

Alves, AR<sup>1</sup>, Queiroz-Ferreira, M.S<sup>1</sup>, Carvajal, JPJ<sup>1</sup>, Rossato, M<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Fitopatologia, Universidade de Brasília (UnB), Brasília–DF, Brasil.

### Resumo

O gênero *Xanthomonas* compreende bactérias patogênicas a aproximadamente 400 espécies vegetais, causando manchas e necroses. A classificação infrassubespecífica de patovar (pv.) surgiu como uma solução provisória para agrupar bactérias fenotipicamente idênticas, mas patogênicas a diferentes hospedeiros. Problemas recentes incluem a sobreposição de gamas de hospedeiros e a distribuição de um mesmo patovar entre diferentes espécies. Portanto, este estudo avaliou a viabilidade e a aplicabilidade da classificação de patovares, utilizando a pv. *allii*, de *Xanthomonas euvesicatoria* como modelo. Um experimento de gama de hospedeiros foi conduzido com oito isolados de *X. euvesicatoria* pv. *allii* em 10 espécies vegetais, incluindo hospedeiros clássicos de diferentes patovares. Os isolados foram cultivados em meio Nutriente Agar (NA) a 28 °C por 48 h e sua identidade confirmada por PCR. A inoculação foi realizada por pulverização foliar ( $10^8$  UFC mL<sup>-1</sup>). A avaliação dos sintomas foi realizada por observação de alterações foliares visíveis. A confirmação da infecção foi realizada por isolamento indireto e PCR. A análise molecular confirmou a identidade dos isolados como *X. euvesicatoria* pv. *allii*, sendo todos patogênicos à Cebola e/ou Cebolinha. No entanto, o estudo revelou uma ampla e significativa sobreposição na gama de hospedeiros. Seis dos oito isolados foram patogênicos a hospedeiros de outras pvs., como o Tomate, além de infectarem Beterraba e Soja. Nenhum isolado foi patogênico ao Coentro. O isolado A-2019-16 demonstrou a maior patogenicidade, infectando nove das dez espécies testadas, enquanto o F-2024-47 infectou apenas duas. A patogenicidade em hospedeiros de rotação, como a Soja, é uma descoberta de relevância epidemiológica, especialmente em regiões onde a Cebola e a Soja são cultivadas em sucessão. Estes resultados demonstram que a pv. *allii* não possui uma gama de hospedeiros restrita, e a patogenicidade é uma característica isolado-específica. A capacidade de infectar múltiplos hospedeiros (Tomate, Pimentão, Soja) sob condições controladas questiona a utilidade diagnóstica e preditiva da classificação infrassubespecífica de patovares baseada na patogenicidade em campo, demandando aprimoramento taxonômico.

**Palavras-chave:** Patogenicidade; Patovar; Taxonomia.

## **Referências**

Constantin EC, Cleenwerck I, Maes M, Baeyen S, Van Malderghem C, De Vos P, Cottyn B (2016) Genetic characterization of strains named as *Xanthomonas axonopodis* pv. *dieffenbachiae* leads to a taxonomic revision of the *X. axonopodis* species complex. *Plant Pathology* 65(5):792-806

Dye DW (1962) The inadequacy of the usual determinative tests for the identification of *Xanthomonas* spp. *N.Z. Journal of Science* 5:393-416

Dye DW, Bradbury JF, Goto M, Hayward AC, Lelliott RA, Schroth MN (1980) International standards for naming pathovars of phytopathogenic bacteria and a list of pathovar names and pathotype strains. *Review Plant Pathology* 59:153-168

Timilsina S, Potnis N, Newberry E A, Liyanapathirana P, Iruegas-Bocardo F, Branco FF, Goss EM, Jones JB (2020) *Xanthomonas* diversity, virulence and plant–pathogen interactions. *Nature Reviews Microbiology* 18(8):415-427

Young JM, Dye DW, Bradbury JF, Panagopoulos CG, Robbs CF (1978) A proposed nomenclature and classification for plant pathogenic bacteria. *New Zealand Journal of Agricultural Research* 21:153-177