

Caracterização morfofisiológica e genética de bactérias endofíticas isoladas de raízes de diferentes genótipos de milho (*Zea mays* L.)

Ikeda, AC¹; Hungria, M²; Steffens, MBR³; Glienke, C¹; Kava-Cordeiro, V¹; Bassani, LL¹; Adamoski, D¹; Stringari, D¹; Galli-Terasawa, LV¹

¹Departamento de Genética, Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná

²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Soja.

³Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná.
angela@scientist.com

Palavras-chave: *Zea mays* L. Bactérias endofíticas. Fixação Biológica de Nitrogênio. BOX-PCR. Gene 16S rDNA.

Introdução: A cultura do milho (*Zea mays* L.) tem relevante expressão no cenário mundial e o Estado do Paraná desempenha importante papel como maior produtor de milho no Brasil. Assim, todas as estratégias que permitam otimizar a produção deste importante cultivo são importantes para a pesquisa aplicada. Bactérias endofíticas apresentam alto potencial na elevação dos índices de produtividade, por mecanismos como a fixação biológica do nitrogênio, a promoção do crescimento de plantas pela produção de fitohormônios, o controle de patógenos, entre outros. Objetivos: Isolar bactérias que se associam endofiticamente com diferentes genótipos de milho (linhagens e híbridos) e caracterizá-las quanto a diversas propriedades morfofisiológicas e genéticas. Métodos: Inicialmente foi estabelecida uma coleção de 217 isolados de bactérias endofíticas de raízes de milho e destes, 98 foram mantidos em condições de laboratório. Foram realizadas caracterizações morfofisiológicas, incluindo morfologia de colônias, diversos testes bioquímicos (crescimento em diferentes meios de cultura, redução do nitrato, urease, catalase, tolerância intrínseca a antibióticos) e avaliação da capacidade de fixação do nitrogênio *in vitro*. Como etapa subsequente, avaliou-se o perfil genético das bactérias através da amplificação do DNA com o *primer* BOX-PCR, relacionado a regiões repetitivas e não codificantes do DNA. Foi realizado, ainda, o sequenciamento parcial do gene 16S rDNA de bactérias representantes dos principais agrupamentos obtidos com os dados morfofisiológicos, sendo identificados os gêneros *Pantoea*, *Bacillus*, *Burkholderia* e *Klebsiella*. Resultados: Foi observada alta variabilidade entre os isolados obtidos em todos os parâmetros analisados, confirmando que populações com elevado grau de diversidade morfofisiológica e genética se estabelece endofiticamente com o milho. É interessante constatar que essa diversidade ocorre mesmo em linhagens e híbridos de milho obtidos em condições normais de melhoramento para a gramínea, que não consideram a capacidade de associação com bactérias endofíticas. Conclusão: O estabelecimento dessa importante coleção, com microrganismos pertencentes a gêneros pouco estudados com a cultura do milho no Brasil permitirá a condução de estudos para a avaliação da capacidade promotora de crescimento ou mesmo fixação biológica de nitrogênio nesses isolados bacterianos. Apoio financeiro: CNPq