

Poster (Painel)**559-1 Diversidade da comunidade bacteriana presente na rizosfera de milho transgênico e na sua respectiva linhagem isogênica não transgênica**

Autores: Simone Raposo Cotta (UFRJ - UFRJ) ; Ivanildo Evódio Marriel (EMBRAPA - EMBRAPA Milho e Sorgo) ; Eliane Aparecida Gomes (EMBRAPA - EMBRAPA Milho e Sorgo) ; Lucy Seldin (UFRJ - UFRJ)

Resumo

Apesar de o milho ser uma cultura de grãos de grande importância, a sua produtividade no Brasil é muito baixa, principalmente devido à ocorrência de pragas como os insetos. Neste contexto, o uso de plantas transgênicas é uma interessante opção. Os milhos Guardian e Herculex apresentam integrados em seu genoma genes da família cry proveniente de *Bacillus thuringiensis*, que codificam para proteínas com atividade tóxica sobre insetos da ordem Lepidoptera. Os ganhos obtidos com a utilização dessas plantas transgênicas são indiscutíveis, porém os efeitos que a inserção de um gene exógeno à planta no ambiente ainda não são bem conhecidos. Alguns trabalhos sugerem que esse possível efeito estaria relacionado com a diferença no padrão de exsudação da planta, que seria alterado pela expressão intermitente da proteína transgênica nos exsudatos. Outros trabalhos descrevem que a quantidade liberada é muito pequena, não havendo organismos responsivos a essas baixas concentrações. Sendo assim, o objetivo do trabalho foi avaliar se a diversidade dos microrganismos associados à rizosfera de milho transgênico e sua respectiva linhagem isogênica não transgênica (milho controle) estaria sofrendo alguma influência dessa modificação genética e, portanto, se haveria alteração na estrutura dessa comunidade durante o tempo de cultivo em dois diferentes tipos de solo (várzea e cerrado). Foi extraído o DNA total presente nos solos rizosféricos através de kits de extração e esse DNA foi amplificado utilizando os iniciadores para o gene 16S ribossomal e o 16S ribossomal de actinomicetos. Essas comunidades foram analisadas através da técnica do DGGE. Independente da comunidade avaliada, não foi encontrada diferenças relacionadas aos genótipos dos milhos. Esses mesmos resultados foram encontrados para ambos os solos. Foram observadas alterações nessas comunidades apenas em relação ao tempo da amostragem (tempo de crescimento do milho em campo). Mais estudos estão sendo realizados para avaliar quais seriam os possíveis efeitos da transgenia do milho na microbiota funcional da rizosfera.