

**Poster (Painel)****1316-1 Análise da comunidade bacteriana presente na raiz de milho geneticamente modificado e sua respectiva linhagem isogênica não transgênica**

**Autores:** Débora Alves Ferreira da Silva (IMPPG - Laboratorio de Genética Microbiana) ; Simone Raposo Cotta (IMPPG - Laboratorio de Genética Microbiana) ; Ivanildo Evódio Marriel (EMBRAPA - Milho e Sorgo) ; Lucy Seldin (IMPPG - Laboratorio de Genética Microbiana)

**Resumo**

A baixa produtividade do milho no Brasil ocorre, entre outros fatores, devido à ocorrência de pragas que podem afetar significativamente o potencial produtivo da plantação do grão. Com a finalidade de diminuir o custo e aumentar a produtividade, começaram a ser desenvolvidas as plantas transgênicas. Um exemplo é o milho resistente a insetos, onde foram inseridos os genes que codificam as proteínas Cry de *Bacillus thuringiensis*, que apresentam forte efeito contra insetos da ordem Lepidoptera. O objetivo do presente trabalho foi verificar a ocorrência de alterações, em decorrência da alteração genética do milho, na comunidade bacteriana endofítica de dois genótipos de milho transgênicos (MON810/30F35Y e Herculex1/30F35H) em comparação à comunidade endofítica da sua respectiva linhagem isogênica não transgênica (30F35). Para tal, as raízes dos diferentes genótipos de milho foram submetidas a tratamentos físicos e químicos para esterilizar a sua superfície garantindo-se, assim, que apenas a comunidade endofítica estaria sendo estudada. Em seguida, foi realizada a contagem do número de células presentes no interior das raízes (unidades formadoras de colônias – UFC/ml). Não foram observadas diferenças significativas entre o número de células bacterianas presentes no genótipo controle em relação aos genótipos transgênicos. Foi realizado também o isolamento de bactérias endofíticas e foram selecionadas 18 estirpes dos genótipos transgênicos (3 isolados do genótipo 30F35Y e 15 do genótipo 30F35H) e 26 do genótipo controle, apresentando morfologias coloniais diferentes. O DNA das 44 estirpes isoladas foi extraído e amplificado por PCR utilizando-se iniciadores para o gene que codifica o 16S rRNA para sua caracterização molecular. Por fim, as raízes também foram submetidas ao processo de extração de DNA total através do kit comercial "Fast DNA Spin Kit (for soil)" da Q Bio gene. O DNA extraído das raízes foi então amplificado utilizando os iniciadores U968 e L1401 para análise da comunidade bacteriana total através do DGGE (eletroforese em gel de gradiente desnaturante). Foi possível observar diferenças entre a comunidade endofítica presente no genótipo controle e nos genótipos transgênicos. Estudos moleculares estão sendo realizados para analisar a composição da comunidade endofítica através da construção de biblioteca de clones.