



Categoria: Iniciação científica
Germoplasma e Diversidade

Análise molecular de diazotróficos em braquiária utilizando-se a estratégia de clonagem e sequenciamento do gene *nifH*

Gleyson José Mesquita Miranda¹, Luc Felicianus Rows², Marcia Reed Rodrigues Coelho²

¹Aluno de Agronomia na UFRRJ e bolsista FAPERJ, gleysonmesquita@hotmail.com;

²Pesquisador da Embrapa Agrobiologia, luc.rouws@embrapa.br, marcia.coelho@embrapa.br.

O uso de técnicas moleculares e os avanços no sequenciamento de genes potencializaram a obtenção e interpretação de dados sobre a diversidade de microrganismos nos mais diversos ambientes. Este trabalho teve como objetivo identificar bactérias diazotróficas presentes na rizosfera de pastagens de *Brachiaria*, utilizando-se a estratégia de clonagem e sequenciamento do gene *nifH*, visando seu futuro uso como inoculantes na cultura. Foram coletadas amostras de duas pastagens em Valença-RJ e duas em Planaltina-GO. O DNA total do solo foi extraído e o gene *nifH* foi amplificado por PCR. Os produtos amplificados foram purificados e clonados em *Escherichia coli* JM109. Os clones obtidos foram submetidos à reação de sequenciamento e as sequências foram comparadas com a base de dados de sequências GenBank, utilizando-se a ferramenta BLAST-N para identificação das sequências de *nifH* filogeneticamente mais próximas. Considerando o melhor resultado pelo BLAST-N em termos de similaridade (primeiro *hit*), a maior parte das sequências dos clones (94 %) teve identidade com sequências de bactérias não cultivadas, enquanto as restantes se agruparam a sequências das ordens Rhizobiales (4,5%) Azospirialles (1%) e Burkholderiales (0,5%). Considerando-se o primeiro resultado correspondente a uma sequência proveniente de uma bactéria cultivada, foram encontradas sequências afiliadas a *Bradyrhizobium* sp. (52%), *Azospirillum* sp. (25%), *Rhodopseudomonas* sp. (5,22%), *Desulfovibrio* sp. (3,35%), *Paenibacillus* sp. (2,98%), *Burkholderia* sp. (2,62%), e outros grupos (<1,5%). Esta análise mostrou uma prevalência de clones com identidade com *Bradyrhizobium* sp. em todas as bibliotecas, sugerindo que este grupo deva ter um papel importante para a cultura de braquiária no Brasil. Além disso, esta foi a primeira vez que se detectou sequências de *Bradyrhizobium* em amostras de rizosfera de braquiária.

Palavras-chave:
braquiária, gene *nifH*, bibliotecas, *Bradyrhizobium*.