



**Categoria: Doutorado**

**Biotecnologia e Biossegurança**

## **Genômica funcional da bactéria diazotrófica *Herbaspirillum rubrisubalbicans* cultivada em líquido de apoplasto de cana-de-açúcar**

Valeria Polese<sup>1</sup>, Márcia Soares Vidal<sup>2</sup>, José Ivo Baldani<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Bolsista Capes/Embrapa Agrobiologia Doutoranda em Fitotecnia, UFRRJ, [valeriapolese@yahoo.com.br](mailto:valeriapolese@yahoo.com.br);

<sup>2</sup>Pesquisador Embrapa Agrobiologia, [marcia.vidal@embrapa.br](mailto:marcia.vidal@embrapa.br), [ivo.baldani@embrapa.br](mailto:ivo.baldani@embrapa.br).

A cana-de-açúcar é uma cultura semi-perene muito importante para o agronegócio brasileiro. A expansão da produção de cana-de-açúcar vem acarretando um aumento na demanda por adubos nitrogenados. Por outro lado, tem sido demonstrado que bactérias diazotróficas associativas e endofíticas são capazes de contribuir para a redução do uso de N nesta cultura impactando na redução dos custos de produção e de danos ambientais. Dentre as bactérias endofíticas, que fixam N no interior de tecidos de cana e podem se localizar no apoplasto, encontra-se a espécie *Herbaspirillum rubrisubalbicans*. No entanto, não é conhecido o papel do líquido do apoplasto presente nos tecidos da planta na interação com a bactéria. O presente projeto tem como objetivo estudar a expressão gênica de *Herbaspirillum rubrisubalbicans* estirpe HCC 103 cultivada na presença e ausência de líquido apoplástico de cana, empregando as técnicas de transcriptômica e proteômica. Colmos da variedade de cana-de-açúcar RB867515 (responsiva a inoculação com bactérias fixadoras de nitrogênio), com 12 meses, serão empregados para a coleta do líquido apoplasto por meio de centrifugação a 3.000 g por 20 min. As bactérias serão cultivadas na presença e na ausência do líquido apoplasto: (1) Meio JNFb líquido e (2) Meio JNFb líquido suplementado com 50% de líquido do apoplasto estéril a 30°C, sob agitação de 150 rpm até a fase exponencial, ponto onde as células serão coletadas por centrifugação e armazenadas a -70°C. O RNA total será sequenciado (RNA-seq) em plataforma Illumina. As sequências serão mapeadas, normalizadas e submetidas à análise de expressão diferencial. Extratos protéicos obtidos tanto do sobrenadante quanto das células bacterianas serão isoeletrofocalizados e submetidos à segunda dimensão (SDS-PAGE). As proteínas diferencialmente expressas serão identificadas por espectrometria de massa (MALDI-TOF). Espera-se identificar genes e proteínas de *H. rubrisubalbicans*, estirpe HCC103, envolvidos na interação com a planta de cana.

**Palavras-Chave:**

fixação biológica de nitrogênio; proteoma; transcriptoma.