

# Polimorfismo de Amplificação do Gene *rpoB* como Nova Ferramenta Molecular para o Agrupamento de Bactérias Associativas

Amplification Polymorphism of *rpoB* Gene as a New Molecular Tool for Clustering Associative Bacteria

---

*Jéssica Fernanda da Silva<sup>1</sup>; Jonnathan Whiny Moraes dos Santos<sup>2</sup>; Tailane Ribeiro do Nascimento<sup>3</sup>; Thaise Rosa da Silva<sup>3</sup>; João Marcos Rodrigues dos Santos<sup>4</sup>; Ana Carla Resende Fraiz<sup>5</sup>; Paulo Ivan Fernandes Júnior<sup>6</sup>*

A diversidade de bactérias promotoras de crescimento vegetal associada a plantas não leguminosas vem sendo caracterizada em diversos ensaios bioquímicos e moleculares na busca pela seleção de estirpes mais eficientes. Novos métodos moleculares podem favorecer a seleção e o agrupamento de micro-organismos com características semelhantes otimizando os trabalhos de seleção microbiana e reduzindo custos em análises demasiadas. O polimorfismo de genes constitutivos pode caracterizar grupos de bactérias diferentes sendo aplicado como uma avaliação complementar às demais análises. O presente trabalho

---

<sup>1</sup>Bióloga, estudante de mestrado do Programa de Pós-graduação em Recursos Naturais do Semiárido, Univasf, Petrolina, PE. Bolsista Facepe.

<sup>2</sup>Engenheiro Agrônomo, estudante de mestrado do Programa de Pós-graduação em Ciências Agrárias, UEPB, Campina Grande, PB. Bolsista CAPES.

<sup>3</sup>Estudante de Ciências Biológicas, UPE, Bolsista PIBIC-Facepe/Embrapa Semiárido, Petrolina, PE.

<sup>4</sup>Estudante de Ciências Biológicas, UPE, estagiário da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE.

<sup>5</sup>Bióloga, D.Sc. em Fisiologia Vegetal. Bolsista PNP/Capes, Programa de Pós-graduação em Recursos Naturais do Semiárido, Univasf, Petrolina, PE

<sup>6</sup>Biólogo, D.Sc. em Ciência do Solo, Pesquisador da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, paulo.ivan@embrapa.br

teve como objetivo estudar o padrão polimórfico de amplificação dos genes constitutivos *rpoB*, *recA*, *atpD* e *glnII*, em comparação com a metodologia de amplificação do espaço intergênico ribossomal (RISA) para o agrupamento e pré-seleção de bactérias potencialmente diazotróficas associadas ao sorgo e ao milheto. O DNA dos isolados bacterianos foi extraído com kit comercial para a amplificação do gene 16S rRNA e identificação por meio do seu sequenciamento parcial. Em seguida isolados pertencentes a diferentes gêneros foram selecionados para análise dos padrões polimórficos de amplificação por PCR de fragmentos dos genes *rpoB*, *recA*, *atpD*, *glnII* e da região ITS (RISA). Os produtos de PCR e os padrões de amplificação foram submetidos a eletroforese horizontal em gel de agarose. Os resultados indicaram que os produtos de PCR para os genes *recA*, *atpD* e *glnII* não apresentaram um polimorfismo considerável para a diferenciação e o agrupamento dos isolados. Porém o polimorfismo para os padrões de amplificação do gene *rpoB* demonstrou um padrão claro de polimorfismo, em comparação com o ITS (RISA), que já é utilizado de forma semelhante para análise da diversidade bacteriana. Desta forma, a análise do polimorfismo resultante do padrão de amplificação do gene *rpoB* pode ser indicada como uma nova metodologia de seleção de bactérias potencialmente diazotróficas associadas a gramíneas.

**Palavras-chave:** Gramíneas, caracterização molecular, fixação biológica de nitrogênio, diazotróficas.

**Keywords:** grasses, molecular characterization, biological nitrogen fixation, diazotrophic.

**Fontes de financiamento:** Embrapa, Capes, CNPq e Fapepe.