



**Categoria: Iniciação Científica**

**Núcleo temático: ABC**

## **Caracterização de estirpes bacterianas isoladas de nódulos de feijão-caupi cultivado em diferentes solos do Rio de Janeiro e Bahia**

Cristiane Freitas Diamantino<sup>1</sup>; Norma Gouveia Rumjanek<sup>2</sup>; Daniel Gomes Condé de Oliveira<sup>3</sup>; Isabela Oliveira da Silva<sup>3</sup>; Karine Moura de Freitas<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Graduanda em Ciências Biológicas, UFRRJ, [crisfdiamantino@gmail.com](mailto:crisfdiamantino@gmail.com);

<sup>2</sup>Pesquisadora Embrapa Agrobiologia, [norma.rumjanek@embrapa.br](mailto:norma.rumjanek@embrapa.br);

<sup>3</sup>Iniciação Científica, Embrapa Agrobiologia; <sup>4</sup>Analista da Embrapa Agrobiologia. [karine.freitas@embrapa.br](mailto:karine.freitas@embrapa.br)

O feijão-caupi, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., é considerado uma das principais culturas de feijão no âmbito socioeconômico brasileiro, principalmente nas regiões Norte e Nordeste, nas quais a produção é baseada em técnicas tradicionais. Além disso, apresenta crescente expansão para o Centro-Oeste, onde tem sido cultivado em larga escala. É uma leguminosa que se associa com bactérias do gênero *Bradyrhizobium*, capazes de realizar fixação biológica de nitrogênio (FBN). Foi reportada eficiência da FBN com o uso das estirpes BR 3302 (UFLA 3-84), BR 3267, BR 3262 e BR 3301 (INPA 3-11B) que foram recomendadas como inoculantes de feijão-caupi pelo MAPA. O objetivo deste estudo foi investigar as estirpes microbianas, presentes em diferentes solos, que nodulam feijão-caupi (cv. costelão). Os solos foram coletados no Rio de Janeiro, regiões da Baixada Fluminense, Médio Paraíba e Baixada Litorânea, e na Bahia, mesorregião do Vale São-Franciscano. Após 40 dias de crescimento as plantas foram coletadas, os nódulos foram removidos e armazenados em sílica gel. Os nódulos foram reidratados em água destilada, desinfestados e foi feito isolamento bacteriano. Os isolados puros obtidos foram utilizados para as análises subsequentes. Para extração de DNA utilizou-se o kit *Wizard® Genomic DNA Purification*, Promega. O gene 16S foi amplificado utilizando os *primers* 27F e 1492R e sequenciado pelo método de Sanger. As sequências obtidas foram montadas no programa *BioNumerics*, possibilitando a identificação dos isolados bacterianos a nível de gênero com o uso da plataforma BLAST® NCBI. Foram caracterizadas 96 estirpes bacterianas. A maior parte destas pertencente ao gênero *Bradyrhizobium*, *Bacillus*, *Rhizobium* e *Paenibacillus*. Outros gêneros apareceram com menor frequência, sendo eles: *Burkholderia*, *Beijerinckia*, *Agrobacterium*, *Enterobacter*, *Labrys*, *Esifer*, *Rhodococcus*, *Lysinbacillus*, *Brevibacillus*, *Stenotrophomonas* e *Methylobacterium*.

**Palavras chave:**  
rizóbio, FBN.