



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

Recursos Genéticos de Microrganismos



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

Caracterização



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ANÁLISE COMPARATIVA DE INFECÇÕES CAUSADAS POR ISOLADOS VIRAIS EM LAGARTAS *Chrysodeixis includens*

Maria Elita Castro^{1*}; Zilda Maria Ribeiro¹; Letícia Fernandes²; Luís Arthur Santos²

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ²Centro Universitário de Brasília.

*elita.castro@embrapa.br

Chrysodeixis includens (Walker, 1858) (Lepidoptera: Noctuidae), conhecida como lagarta falsa-medideira, é uma praga que pode causar grandes prejuízos econômicos às diversas culturas como, soja, algodão, feijão, tomate, batata, amendoim, girassol e hortaliças. O uso de agentes biológicos, como os inseticidas à base de baculovírus, um grupo de vírus patogênico a insetos, tem sido utilizado com sucesso no controle de lepidópteros-praga na agricultura brasileira. A multiplicação massal desses vírus é feita no inseto alvo, sendo que o processo de produção deve partir da seleção de isolados virais com elevada virulência e resultar em um produto com alta eficácia no combate a praga no campo. Neste contexto, esse trabalho visa selecionar isolados virais obtidos a partir de larvas *Chrysodeixis includens* infectadas, com características pesticidas altamente favoráveis para uso em controle biológico. Estudos em andamento foram então concluídos e comparados quanto à atividade biológica de isolados de *Chrysodeixis includens* nucleopolyhedrovirus - ChinNPV (total de 11 isolados virais) em larvas de *C. includens*. Dentre esses isolados, quatro provenientes de larvas coletadas em plantações de soja e algodão no Mato Grosso foram avaliados em ensaios de infecção realizados em laboratório. Larvas de terceiro ínstar foram alimentadas com dieta artificial contendo diferentes concentrações virais (1×10^4 , 4×10^4 , $1,6 \times 10^5$ OBs=poliedros/mL de dieta). Os resultados foram analisados e comparados com base na taxa de mortalidade (%), concentração letal (CL_{50}), tempo de morte (TM). O isolado ChinNPV-MT.B (de Mato Grosso) apresentou menores CL_{50} (5305,101 OBs/mL) e TM (6 dias pós-infecção) e causou 100% de mortalidade de larvas na concentração de $1,6 \times 10^5$ OBs/mL de dieta. Esses resultados foram similares aos obtidos de um isolado do estado do Paraná, que apresentou alta patogenicidade em larvas *C. includens*. O isolado ChinNPV-MT.B foi selecionado como um possível ingrediente ativo para desenvolvimento e formulação de um protótipo inseticida biológico para controle da praga *C. includens* e comparado em estudos de diversidade genética, em andamento. As análises filogenéticas baseadas em máxima parcimônia sugeriram que esse isolado juntamente com os outros três isolados MT estão mais distantes filogeneticamente dos sete isolados comparados, porém dentre os isolados de origem mato-grossense, o mais distante foi o isolado ChinNPV-MT.D. Essas análises terão continuidade em estudos mais detalhados sobre a variabilidade genética entre populações de isolados virais.

Palavras-chave: baculovirus; infectividade; *Chrysodeixis includens*.

Agradecimentos: CNPq; FAPDF; UnB; IMAmt; EMBRAPA.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

BIOPROSPECÇÃO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS E RIZOSFÉRICAS ASSOCIADAS A PLANTAS DO GÊNERO *Paspalum* DE REGIÃO LITORÂNEA

Luidgi Duarte Viscardi¹; Ailton Ferreira de Paula^{1*}; Naiana Barbosa Dinato¹; Bianca Baccili Zanotto Vigna²; Alessandra Pereira Fávero²; Paulo Teixeira Lacava¹

¹Universidade Federal de São Carlos. ²Embrapa Pecuária Sudeste.
*ailtonfp_biológ@yahoo.com.br

O gênero *Paspalum* pertence a família *Poaceae*. Espécies nativas de gramíneas com elevado valor nutritivo é extremamente desejável e particularmente importante para as pastagens naturais do Brasil, pois constituem principal fonte alimentar de rebanhos. Microrganismos endofíticos e rizosféricos podem viver em simbiose com plantas beneficiando seu crescimento através da produção de ácido 3-indolacético (AIA), solubilização de fosfato (SF) e fixação biológica de nitrogênio (FBN). Este estudo teve por objetivo isolar, caracterizar e identificar microrganismos endofíticos e rizosféricos de três plantas (AF 47, AF 49 e AF 53) do gênero *Paspalum* coletadas na região litorânea do Paraná (Matinhos/PR), visando identificar o potencial desses microrganismos na promoção de crescimento vegetal. O teste *in vitro* de FBN foi realizado utilizando um meio de cultura semi-sólido livre de nitrogênio. O teste de SF foi realizado em meio agar nutriente + fosfato insolúvel e para o teste de produção de AIA foi utilizado o meio Caldo Triptona de Soja 10% + L-triptofano. Na identificação molecular foi utilizado o gene 16s rDNA e as sequências editadas foram comparadas no software *Classifier*. Um total de 92 isolados (36 de AF 47, 33 de AF 49 e 23 de AF 53) foram avaliados, sendo 28 de folhas, 42 de raiz e 22 de rizosfera. Foram encontrados 22 isolados com resultados positivos para FBN, SF e AIA. Os dois gêneros de bactérias identificados foram *Enterobacter* (2) e *Pantoea* (20). Todos foram restritos endofíticos. Os dois gêneros foram encontrados em planta AF 47 e AF 49, e um (*Pantoea*) em AF 53. O gênero *Pantoea* foi encontrado em folha (AF 47 e AF 49) e raiz (AF 53). O gênero *Enterobacter* foi encontrado em folha (AF 49) e raiz (AF 47). Quanto a diversidade de bactérias promotoras de crescimento vegetal, neste estudo se restringiu a dois gêneros, não foi encontrada nenhuma bactéria rizosférica com capacidade para promoção de crescimento vegetal. Logo, de 92 isolados avaliados, 22 foram promissores para a promoção de crescimento vegetal.

Palavras-chave: solubilização de fosfato; fixação biológica de nitrogênio; ácido indolacético.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CULTIVO E IDENTIFICAÇÃO DE FUNGOS ENTOMOPATOGÊNICOS DE FORMIGAS – FUNGOS ZUMBIS NO MACIÇO DE BATURITÉ

Raíssa Caroline Dias Ferreira^{1*}; Luzia Gabrielle Zeferino de Castro¹; Joedson Castro Pires²; Emily Oliveira Fonseca²; Jobert Fernando Sobczak²; Denise Cavalcante Hissa¹

¹Laboratório de Recursos Genéticos, Departamento de Biologia, Universidade Federal do Ceará.

²Laboratório de Ecologia e Evolução, Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira. *raissadiasf@gmail.com

Algumas espécies de fungos possuem a capacidade de infectar formigas, alterando o comportamento desses insetos, de forma a ser vantajoso para dispersão de seus esporos e a conclusão do seu ciclo de vida. Essas mudanças incluem desde a introdução de convulsões, movimentos circulares e/ou escalada atípica de vegetação. Devido ao comportamento incomum desses insetos, eles são geralmente chamados de “zumbis”. Atualmente, não existem muitos trabalhos sobre a relação fungo-formiga e como ocorre a manipulação do sistema nervoso do hospedeiro, sendo necessários estudos para o entendimento dessa interação. Dessa forma, este projeto teve por objetivo o cultivo, isolamento e identificação de fungos entomopatogênicos de formigas do Maciço de Baturité, Pacoti – CE. Para tanto, foram utilizadas 12 amostras de formigas “zumbis” com aspectos morfológicos diferentes. O isolamento e cultivo dos fungos foram realizados em placas contendo meio ágar batata a 30 °C até 5 dias. Após seu crescimento, foi realizada a extração do DNA genômico através do método CTAB, a amplificação da zona ITS (espaço intragênico específico) por meio de PCR utilizando os iniciadores ITS1 (5’-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3’) e ITS4 (5’-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3’) e posterior sequenciamento. Como resultado foi possível realizar o cultivo de 12 amostras de fungos com características morfológicas diferentes e sendo possível realizar a extração do DNA e amplificação do ITS para 11 amostras e identificação molecular de 8 amostras. O sequenciamento revelou três fungos pertencentes ao gênero *Mucor* e os outros fungos foram identificados como *Trichoderma* sp., *Amblyseius* sp., *Fusarium* sp., *Cyphellophora* sp. e *Coprinellus* sp. Sendo necessário a utilização de outros genes para a identificação a nível de espécie ou dos fungos que não foram identificados. Os resultados obtidos compreendem um passo inicial para compreensão de fungos patogênicos de formigas no estado do Ceará e apresentam importância ecológica para a compreensão da evolução adaptativa desses fungos.

Palavras-chave: extração de DNA; *Mucor*; identificação molecular

Agradecimentos: CNPq e FUNCAP



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DE *Trichoderma* ISOLADAS DE SOLOS CULTIVADOS COM ALHO E CEBOLA E A DESCRIÇÃO DE DUAS NOVAS ESPÉCIES

Maria Cleria Valadares-Ingliš^{1*}; Sueli Correa Marques de Mello¹; Irene Martins¹; João Batista Tavares da Silva¹; Kamilla Barreira de Macêdo²; Peter Ward Ingliš¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ²UniCeub (Centro Universitário de Brasília).

*maria.inglis@embrapa.br

Linhagens de *Trichoderma* foram isoladas a partir de amostras de solo coletadas em áreas de cultivo de alho e cebola. A identificação molecular de 54 linhagens foi feita utilizando uma combinação de sequências de ITS, TEF, CAL, ACT e RPB2. A caracterização morfológica foi feita através do cultivo em meios BDA (batata dextrose ágar), meio CMD (cornmeal dextrose ágar) e SNA (synthetic low nutriente agar) nas temperaturas de 15, 20, 25, 30 e 35°C e fotoperíodo de 12 horas. Características como fiálides e conídios foram observadas usando um microscópio Nikon com magnitude de 60x. As medidas das estruturas foram feitas utilizando o software NIS Elements. A variabilidade genética, das linhagens, foi analisada por AFLP (amplified fragment length polymorphism). Amostras das linhagens crescidas em meio BDA foram coletadas e analisadas por MALDI-TOF, utilizando o espectrômetro (MicroFlex LRF – Bruker Daltonics), os dados foram exportados para o Software Biotyper (3.0 Bruker Daltonics GmbH) para análise. Os resultados das análises moleculares mostraram a ocorrência 10 espécies de *Trichoderma* sendo 02 linhagens da espécie *T. asperellum*, 13 de *T. asperelloides*, 03 de *T. afroharzianum*, 02 de *T. hamatum*, 05 de *T. lentiforme*, 04 de *T. koningiopsis*, 08 de *T. longibrachiatum*, 02 de *T. erinaceum*, uma nova espécie, próxima à espécie *T. tomentosum*, representada por 12 linhagens e outra nova espécie próxima às espécies *T. rifaii* e *T. afarasin* representada por 03 linhagens. As novas espécies pertencem a Sessão Pachybasium, clado harzianum. Uma das novas espécies ocorre em quatro dos oito locais de coleta das amostras e a outra nova espécie ocorre em duas regiões. As fiálides e esporos das linhagens foram medidas quanto ao comprimento e largura e o crescimento de colônias avaliado em diferentes meios de cultivo. As análises de MALDI-TOF permitiram observar agrupamentos semelhantes aos obtidos pelas análises de sequências. A análise de AFLP, que permite avaliar a diferença entre linhagens de uma mesma espécie mostrou variabilidade entre as linhagens das espécies analisadas, demonstrando variabilidade de linhagens coletadas de uma mesma região e de diferentes regiões, com agrupamentos iguais aos obtidos pelas análises de sequências e por MALDI-TOF.

Palavras-chave: *Trichoderma*; diversidade de espécies; nova espécie.

Agradecimentos: Agradecemos à FAPDF (Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal) pelo financiamento.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ISOLAMENTO E PERFIL DE RESISTÊNCIA DE CEPAS DE *Pseudomonas aeruginosa* E *Aeromonas hydrophila* PRESENTES EM FRANGOS ABATIDOS NO RJ

Gilberto Gonzaga Sousa Júnior¹; Maíra Halfen Teixeira Liberal²; Alcir das Graças P. Ribeiro²; Dalia dos Prazeres Rodrigues³; Roberta L. Sousa³; Helena Magalhães^{2*}

¹Universidade Plínio Leite. ²Centro Estadual de Pesquisa em Sanidade Animal/Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro. ³FIOCRUZ. *helenanit2@hotmail.com

O consumo de carne de aves vem aumentando nos últimos anos, e a sua qualidade depende do manejo para a sua produção. Seu consumo está relacionado à surtos de doenças transmitidas por alimentos, em vários países. A presença de *Pseudomonas* sp. e *Aeromonas* sp. em carcaças de frangos recém abatidos, foi pesquisada em abatedouros da Região Serrana do RJ. Foram coletadas, ao acaso, 50 amostras biológicas utilizando-se *swabs* contendo meio de transporte, em pontos da linha de abate. O material biológico coletado foi examinado na Área de Bacteriologia do CEPGM/PESAGRO-RIO, para isolamento de microrganismos, caracterização e determinação do perfil de resistência a antibióticos. As bactérias em estudo foram isoladas de 9 amostras, sendo que *Pseudomonas* sp. ocorreu em 5 amostras (10%), coletadas no início da evisceração (2); *chiller* do início da rosca (1); e *chiller* do final da rosca (2). Pelo comportamento bioquímico, as cepas foram classificadas como *P. aeruginosa*. A pesquisa de *Aeromonas hydrophila* foi positiva em 4 amostras (8%): nos *swabs* de *chiller* de miúdos (2); e nos *swabs* do início de evisceração (2). As cepas de *Pseudomonas* sp. e *Aeromonas* sp. isoladas foram testadas quanto à resistência a antimicrobianos, seguindo-se a CLSI. As cepas de *P. aeruginosa* foram 100% resistentes para Ampicilina, e 80% para Cefalotina, Cloranfenicol, Tetraciclina, e Ácido Nalidíxico. A Amicacina foi sensível para 100% das amostras; Gentamicina e Ciprofloxacina para 80%. As cepas de *A. hydrophila* foram 100% sensíveis à Cefotaxima; Amicacina e Ceftazidima, e 80% ao Sulfametox-trimetoprim, Cloranfenicol e Ciprofloxacina. A maior resistência foi para Ampicilina (80%), seguida da Tetraciclina e do Ácido Nalidíxico (60%). *P. aeruginosa* tem grande tolerância a condições físicas e ambientais adversas, sendo um patógeno oportunista em alimentos. Já *A. hydrophila* é capaz de sobreviver e se multiplicar em alimentos mantidos sob refrigeração, algumas cepas produzem toxinas, sendo um sério risco à Saúde Pública, principalmente para idosos, crianças e pacientes imunodeprimidos. O isolamento de *Pseudomonas aeruginosa* e *Aeromonas* sp. nas carcaças de frango nos abatedouros estudados, sugere deficiência nas condições higiênicas de criação e de abate. As bactérias encontram-se à -80°C, na “Coleção de Microrganismos Patogênicos para Animais de Produção”, do CEPGM.

Palavras-chave: DTAs; toxinas; aves.

Agradecimentos: FAPERJ; Dr Bernardino A. F. Neto/UNIPLI.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

POSICIONAMENTO FILOGENÉTICO DE UM ISOLADO DE FUNGO DO GÊNERO *Morchella* COLETADO EM GUARAPUAVA, PARANÁ, BRASIL

Yuri Kataoka Silva¹; Felipe Liss Zchonski¹; Laura Pilati¹; Tânia Maria de Moura¹; Paulo Roberto Da Silva^{1*}

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO, Laboratório de Genética e Biologia Molecular Vegetal. *prsilva@unicentro.br

Os fungos do gênero *Morchella* (Pezizales, Ascomycota) são conhecidos pelo seu valor gastronômico. Para o gênero, atualmente estão descritas 43 espécies distribuídas em dois Clados, o Clado Elata com 26 espécies e o Clado Esculenta com 16 espécies, além de uma linhagem basal representada por *Morchella rufobrunnea*. *Morchella* apresenta elevado grau de endemismo no Hemisfério Norte. No Hemisfério Sul algumas espécies deste gênero foram descritas como ocorrentes na Patagônia Argentina e Chilena, em Ruanda na África e na Austrália. No Brasil, até momento foi registrado somente uma ocorrência de *Morchella esculenta* Pers. ex St. Amans, em Santa Maria, no Rio Grande do Sul. Em maio de 2017, em Guarapuava, PR, foi encontrado um conjunto de corpos de frutificação de um fungo diferente dos observados na região. Este apresentava estipe de aproximadamente 2 cm e um píleo de aproximadamente 5 cm, no formato cônico com sulcos que lembravam um cérebro. Os corpos de frutificação foram coletados e congelados. Uma busca na internet utilizando a descrição morfológica do corpo de frutificação permitiu identificar o isolado como pertencente ao gênero *Morchella*. A identificação morfológica das espécies dentro deste gênero é controversa. Assim, o objetivo deste trabalho foi confirmar o isolado coletado como pertencente ao gênero *Morchella* e determinar o posicionamento filogenético dentre os Clados Elata ou Esculenta. Para as análises moleculares o DNA do micélio foi extraído e amplificado via PCR (*Polymerase Chain Reaction*) utilizando três marcadores nucleares (ITS, *RPB2* e *EF-1 α*) descritos como mais informativos para o gênero. Os produtos da amplificação de cada marcador foram sequenciados, e alinhados com 21 sequências retiradas do *GenBank*, 10 de cada Clado, Elata e Esculenta e 1 da espécie *Verpa* sp. utilizada como grupo externo. O isolado Brasileiro se posicionou no Clado Esculenta com alta confiabilidade (0,81). A comparação das sequências obtidas contra sequências depositadas no *GenBank* evidenciou que cada sequência apresentou homologia com uma espécie diferente, impossibilitando a identificação da espécie aqui estudada. A análise filogenética utilizando sequências de todas as espécies do Clado Esculenta está em andamento e poderá auxiliar na identificação molecular da espécie em estudo ou das espécies mais próximas a esta. Os resultados aqui obtidos contribuirão para o melhor entendimento da distribuição geográfica do gênero *Morchella* e enriquece a diversidade de fungos no Brasil.

Palavras-chave: Ascomycota; esculenta; Elata.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

POTENCIAL DE PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO VEGETAL DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS E RIZOSFÉRICAS ASSOCIADAS A *Paspalum atratum* e *P. notatum*

Ailton Ferreira de Paula^{1*}; Paulo Henrique Marques de Andrade¹; Felipe de Paula Nogueira Cruz¹; Bianca Baccili Zanotto Vigna²; Alessandra Pereira Fávero²; Paulo Teixeira Lacava¹

¹Departamento de Morfologia e Patologia, Universidade Federal de São Carlos. ²Embrapa Pecuária Sudeste. *ailtonfp_biológ@yahoo.com.br

O gênero *Paspalum* pertence a família *Poaceae*. O Banco Ativo de Germoplasma de *Paspalum* da Embrapa Pecuária Sudeste possui cerca de 450 acessos de 50 espécies. Dentre os acessos conservados, dois foram selecionados para este estudo: *Paspalum atratum* BGP 308 (potencial como forrageiro) e *P. notatum* BGP 26 (potencial como gramado). Até o momento, a diversidade microbiológica tanto endofítica quanto rizosférica para esses dois acessos eram desconhecidas, bem como o potencial destes microrganismos para a promoção de crescimento vegetal. Este estudo teve por objetivo o isolamento, identificação e caracterização da comunidade bacteriana endofítica e rizosférica de *P. atratum* e *P. notatum* pela análise *in vitro*, visando identificar o potencial desses microrganismos na promoção de crescimento vegetal por fixação biológica de nitrogênio (FBN), solubilização de fosfato (SF) e produção de ácido 3-indolacético (AIA). O teste *in vitro* de FBN foi realizado utilizando um meio de cultura semi-sólido livre de nitrogênio. O teste de SF foi realizado em meio ágar nutriente + fosfato insolúvel e para o teste da produção de AIA foi utilizado o meio Caldo Triptona de Soja 10% + L-triptofano. Na identificação molecular foi utilizado o gene 16s rDNA e as sequências editadas foram comparadas no software *Classifier*. De um total de 260 isolados (124 de BGP 26 e 136 de BGP 308), 215 foram avaliados (49 de folhas, 62 de raiz e 104 de rizosfera). Foram encontrados 54 isolados com resultados positivos para FBN, SF e AIA. Os sete gêneros encontrados foram *Bacillus* (4), *Enterobacter* (22), *Microbacterium* (1), *Micrococcus* (1), *Pantoea* (10), *Pseudomonas* (15) e *Rhizobium* (1). Destes, quatro (*Micrococcus*, *Pantoea*, *Microbacterium* e *Rhizobium*) foram restritos como endofíticos e três (*Bacillus*, *Enterobacter* e *Pseudomonas*) apareceram em ambos (endofíticos e rizosféricos). Quanto à diversidade entre acessos, um gênero (*Rhizobium*) de bactérias foi restrito ao BGP 26, dois (*Microbacterium* e *Micrococcus*) restritos ao BGP 308 e quatro (*Bacillus*, *Enterobacter*, *Pantoea* e *Pseudomonas*) foram encontrados nas duas espécies. Estes resultados mostram que BGP 308 possui maior diversidade quanto a bactérias promotoras de crescimento vegetal em relação a BGP 26, assim como as endofíticas apresentam maior diversidade em relação as rizosféricas. Logo, de 215 isolados avaliados, 54 foram promissores para a promoção de crescimento vegetal.

Palavras-chave: solubilização de fosfato; fixação biológica de nitrogênio; ácido indolacético.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

PRODUÇÃO DE SIDERÓFOROS POR BACTÉRIAS DO GÊNERO *BURKHOLDERIA* ISOLADAS DA CULTURA DE ARROZ

Julia Sampaio e Silva Viana¹; José Ivo Baldani²; Marcia Soares Vidal²

¹Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro - UFRRJ. Rodovia BR 465, Km 7, s/n, Zona Rural, Seropédica - RJ, CEP: 23890-000. ²Embrapa Agrobiologia. BR 465, Km 7, s/n, Ecologia, Seropédica, RJ, Brasil - CEP: 23890-000. *julia.sampaioviana@gmail.com.

As bactérias do gênero *Burkholderia* caracterizam-se por serem fenotipicamente e ecologicamente diversificadas. As estirpes desse gênero se destacam em sua capacidade de produção de sideróforos, ácido indol acético e solubilização de fosfato. Os sideróforos são moléculas sequestradoras de ferro, secretadas por microrganismos quando submetido a condições de carência de ferro em solução. O presente estudo tem como objetivo avaliar a capacidade de produção de sideróforos de bactérias do gênero *Burkholderia* isoladas da cultura de arroz. A síntese de sideróforos foi avaliada por meio da análise qualitativa utilizando o corante Cromoasurol S (CAS) que possui coloração intensa e capacidade de complexação com o Fe. As estirpes bacterianas foram cultivadas em meio JMV, com ausência de ferro em sua composição, durante um período de 24 horas. O ensaio foi realizado em placas de Petri contendo meio de cultura JMV na ausência de suplementação férrica e com 10% de solução CAS após a solidificação foi inoculado 10 µL da cultura microbiana em três pontos diferentes da placa seguido da incubação das placas a 30°C por 24 horas. A produção foi avaliada pela formação de halo rosa ao redor da cultura bacteriana, visto que quando o sideróforo sequestra o ferro, o corante é liberado fazendo com que o meio de cultivo mude de coloração ao redor da colônia bacteriana. Posteriormente, foi realizado a quantificação de tal composto no meio de cultivo JMV na ausência de ferro, por meio da mistura de 0,5 mL de sobrenadante e 0,5 mL de solução de CAS. Após 1 h de reação realizou-se a leitura da absorbância em espectrofotômetro, no comprimento de onda de 630 nm. Em seguida, a presença de sideróforos com estrutura do tipo hidroxamato foi confirmada pelo teste de CSÁKY (1948). A análise qualitativa das 76 bactérias testadas mostrou que 41 estirpes apresentaram mudança de coloração do meio de cultivo e foram classificadas como alta ou muito alta produtoras de sideróforos. Já a dosagem de sideróforos mostrou que 24 estirpes apresentaram produção de sideróforos acima de 50% em relação as demais, dentre elas foi observado que 14 isolados produziram sideróforos na faixa de 70,7 a 90,0%. Além disso, verificou-se a presença de sideróforos com estrutura do tipo hidroxamato em 35 estirpes. Os resultados evidenciaram a capacidade de algumas das bactérias do gênero *Burkholderia* isoladas da cultura de arroz produzirem expressiva quantidade de sideróforos, sendo um aspecto importante para a exploração biotecnológica no controle biológico de fitopatógenos na cultura.

Palavras-chave: bactérias diazotróficas; caracterização fisiológica; quelantes de ferro.

Agradecimentos: Embrapa Agrobiologia e UFRRJ.