



IV REUNIÃO
NORDESTINA DE
Ciência do Solo

27 a 30
de novembro
de 2017

I Simpósio Piauiense de Ciência do Solo

Teresina - PI

**DIVERSIDADE DE BACTÉRIAS ISOLADAS EM NÓDULOS DE FEIJÃO-FAVA
(*Phaseolus lunatus* L.)**

Claudiana Silva Pereira¹, Andréa Rhavena Rodrigues Arruda², Sandra Mara Barbosa Rocha³,
Jadson Emanuel Lopes Antunes⁴, Ademir Sérgio Ferreira de Araújo⁵, Mariangela Hungria⁶

⁽¹⁾Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Piauí (UFPI), Teresina, PI, claudianasilvapereira123@gmail.com; ⁽²⁾Graduanda em Engenharia Agrônoma, UFPI, Teresina, PI; ⁽³⁾Mestranda do Programa de Pós-graduação em Agronomia/Agricultura Tropical, UFPI, Teresina, PI; ⁽⁴⁾Pesquisador do Laboratório de Análise de Solos (LASO), UFPI, Teresina, PI; ⁽⁵⁾Professor da UFPI, Teresina, PI; ⁽⁶⁾Pesquisadora da Embrapa Soja, Londrina, PR

Introdução - Os rizóbios, conjunto de bactérias presentes no solo capazes de formar nódulos em raízes e caules de leguminosas, nos quais realizam fixação biológica de nitrogênio, são alvos de muitos estudos taxonômicos, evolutivos e de relações filogenética, sendo utilizada para tanto uma abordagem polifásica, a qual leva em conta características morfofisiológicas e moleculares. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi identificar isolados bacterianos em nódulos de feijão-fava. **Material e métodos** - Os 36 isolados foram obtidos em amostras de solos dos distritos de Nova Esperança (07°77'10"S E 93°51'58"W) e Santa Rita (07°71'49"S E 93°60'08"W), pertencentes ao município de Água Branca-PI, classificados como Latossolo Vermelho-Amarelo Distrófico, utilizando feijão-fava como planta isca. A extração do DNA foi realizada utilizando kit comercial, conforme recomendação do fabricante, após cultivo dos isolados em meio YM líquido em agitador orbital a 200 RPM e 28°C por 72 h até turvamento do meio. Destes isolados, 32 foram submetidos a amplificação com primers fD1 e rD1 do gene 16S rRNA. Os produtos da PCR foram purificados e submetidos ao sequenciamento. As sequências nucleotídicas, com tamanho de 1000 a 1200 pb, foram analisadas com o programa Electropherogram quality analysis (Embrapa), alinhadas no Mega e submetidas ao GenBank.. **Resultados** - A partir do sequenciamento parcial do gene 16S rRNA, foram identificados dez gêneros bacterianos, sendo três reconhecidos como nodulíferos (*Bradyrhizobium*, com oito representantes, *Rhizobium*, cinco, e *Burkholderia*, dois) e outros sete considerados como endofíticos (*Bacillus*, com seis representantes, *Pseudomonas*, quatro, *Enterobacteriaceae*, dois, *Paenibacillus*, dois, *Agrobacterium*, um, *Enterobacter*, um, e *Williamsia*, um). **Conclusão** - A análise das sequências revelou que os isolados estão distribuídos em dez gêneros bacterianos: *Bradyrhizobium*, *Rhizobium*, *Burkholderia*, *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Enterobacteriaceae*, *Paenibacillus*, *Agrobacterium*, *Enterobacter*, e *Williamsia*, e sugere uma grande diversidade de bactérias simbióticas e endofíticas colonizando internamente nódulos de feijão-fava com potencial para fixação de nitrogênio e promoção de crescimento em plantas.

Palavras-chave: 16S rRNA, leguminosas, taxonomia de rizóbios

Agradecimentos: Embrapa Soja, Universidade Federal do Piauí

Promoção:



Realização:

