

Bactérias endofíticas de pupunheira na promoção do desenvolvimento e crescimento de plantas: análise filogenética

Wilian Felipe Bugnhaki

Graduando em Ciências Biológicas da Pontifícia Universidade Católica de Curitiba, Curitiba, PR

Juliana Degenhardt-Goldbach

Doutora em Ciências da Horticultura, pesquisadora da Embrapa Florestas, Colombo, PR

Krisle da Silva

Doutora em Microbiologia Agrícola, pesquisadora da Embrapa Florestas, Colombo, PR

Regina Caetano Quisen

Doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Florestas, Colombo, PR, regina.quisen@embrapa.br

A caracterização taxonômica de microrganismos pode contribuir de forma significativa para o entendimento das interações existentes entre bactérias endofíticas e plantas, assim como conhecer a diversidade destes microrganismos. A seleção de isolados bacterianos de interesse biotecnológico pode contribuir, por exemplo, ao avanço de técnicas de propagação e ao desenvolvimento de produtos que favoreçam a produção de mudas de espécies de interesse, tal como a pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth.), cultivo de destaque no mercado produtor de palmito. Neste sentido, o presente trabalho teve como objetivo identificar os perfis taxonômicos bacterianos presentes em isolados endofíticos de tecidos vegetais de pupunheira, visando contribuir para a seleção de bactérias capazes de promover o crescimento vegetal. Bactérias endofíticas isoladas a partir de tecidos estabelecidos in vitro de pupunheira e pertencentes à coleção microbiológica da Embrapa Florestas foram selecionadas para a extração do DNA e análise do gene 16S rRNA. O sequenciamento parcial foi realizado mediante uso do iniciador 27F em um sequenciador de DNA 3730xl (Applied Biosystems®). As sequências de nucleotídeos foram comparadas ao banco de dados GenBank (*National Center for Biotechnology Information*), sendo para cada gene realizada busca de identidade via algoritmo de mapeamento probabilístico utilizado pelo BLAST. As análises filogenéticas e evolutivas moleculares foram realizadas por meio do software MEGAX, sendo as árvores construídas a partir do método “neighbour-joining” e do modelo de Kimura 2. Com base na análise das sequências do gene da porção 16S do rRNA no resultado de 15 isolados, pode-se inferir acerca da identidade dos seguintes gêneros: *Stenotrophomonas*, *Pseudomonas*, *Agrobacterium*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Erwinia* e *Rhizobium*. Ressalta-se que essas bactérias são citadas como promotoras de aumento de biomassa aérea e de raízes de plantas de diversos cultivos agrícolas, assim como produção de hormônios vegetais, que modulam o desenvolvimento e crescimento vegetal. A identificação desses gêneros, via sequenciamento, abre uma perspectiva para a aplicação de isolados potenciais na composição de inoculantes microbianos, visando o incremento da produção de mudas seminais ou clonais, seja no cultivo da pupunheira, como em estudos de outras espécies de interesse econômico.

Palavras-chave: *Bactris gasipaes*; Sequenciamento; 16S rRNA; Interação bactéria-plantas.

Apoio/financiamento: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Embrapa Florestas.