

ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DA POPULAÇÃO DE *Paenibacillus* NA RIZOSFERA DE MILHO PLANTADO EM SOLO DE CERRADO E DE VÁRZEA, ATRAVÉS DE MÉTODOS MOLECULARES

Silva, K.R.¹; Rosado, A.S.¹; Marriel, I.E.²; Paiva, E.² & Seldin, L.¹
Universidade Federal do Rio de Janeiro, RJ¹ e EMBRAPA-CNPMS, MG²

Estirpes pertencentes a diferentes espécies de *Paenibacillus* vem sendo caracterizadas como rizobactérias promotoras do crescimento de plantas (PGPR). Estas podem produzir substâncias com atividade antimicrobiana, fixar o nitrogênio atmosférico, solubilizar o fosfato inorgânico e liberar fitormônios, ácido indol acético, entre outros. Estudos genéticos sobre a diversidade de *P. azotofixans* indicaram que algumas estirpes dessa espécie predominavam na rizosfera de milho. Entretanto, somente um genótipo de milho (BR-201) foi utilizado neste estudo. Dando continuidade a este trabalho, pretendemos determinar se o genótipo do milho tem alguma influência na diversidade genética da população de *Paenibacillus*. Para isso, foram utilizados "primers" baseados no gene RNAr 16S ("primers" universal e específico para *Paenibacillus*). O sistema de DGGE ("denaturing gradient gel electrophoresis") foi utilizado para analisar os produtos de PCR obtidos com estes "primers" e os resultados indicaram que há uma diversidade na população bacteriana predominante entre os dois solos utilizados (Cerrado e Várzea) mas não entre os quatro genótipos de milho estudados. O mesmo foi observado na população predominante de *Paenibacillus*. Entretanto, quando estes mesmos produtos de PCR foram digeridos com as enzimas de restrição *HaeIII* e *HinfI* e submetidos à eletroforese em gel de agarose em experimentos de ARDRA ("amplified ribosomal DNA restriction analysis"), a diferença entre populações observada no DGGE não pode mais ser detectada.

Apoio financeiro: CNPq, Pronex e CAPES