



Avaliação comparativa da biota do solo em feijoeiro Olathe Pinto e Olathe 5.1 modificado geneticamente para resistência ao vírus do mosaico dourado

Beatriz Cordeiro Alcantara Cunha¹, Josias Corrêa de Faria², Norma Gouvêa Rumjanek³, Gustavo Ribeiro Xavier³

¹ Bolsista Embrapa Agrobiologia, Graduanda em Agronomia, UFRRJ, bia-cordeiro@hotmail.com

² Pesquisador Embrapa Arroz e Feijão, josias@cnpaf.embrapa.br

³ Pesquisador Embrapa Agrobiologia, norma@cnpab.embrapa.br, gustavo@cnpab.embrapa.br

Como parte dos estudos de biossegurança de cultivos de plantas geneticamente modificadas, a avaliação de possíveis efeitos não esperados sobre a microbiota da rizosfera pode indicar modificações na qualidade dos exsudados radiculares, bem como dos resíduos culturais. No caso de cultivos que dependem de simbiose para fixação de N₂, é fundamental investigar se o evento da transgenia em questão altera esse tipo de interação mutualística. O grupo das alfaproteobactérias compreende a maioria dos microrganismos nodulantes fixadores de nitrogênio. Este estudo visa analisar possíveis alterações na comunidade de alfaproteobactérias da rizosfera da planta geneticamente modificada, em relação à isolínea não transgênica. Foram coletadas amostras de solos associados à rizosfera, 40 dias após a emergência, em experimentos de campo implantados em Santo Antônio de Goiás (GO), Sete lagoas (MG) e Londrina (PR), no ano de 2008. Procedeu-se a extração de DNA total utilizando-se Kit Ultra Clean Soil MOBIO®, segundo protocolo do fabricante. As amostras foram amplificadas via PCR utilizando iniciadores para o grupo das alfaproteobactérias (F203α e R1492) e Nested - PCR usando iniciadores universais para DGGE F968 - CG e R1401. A análise do perfil da comunidade microbiana foi avaliada via DGGE (gel de eletroforese em gradiente desnaturante). Os géis foram analisados pelo programa Gel Compar II, onde foram gerados os dendrogramas de similaridade, por meio de coeficiente de Jaccard e método de agrupamento UPGMA. Resultados preliminares indicaram que não há alterações na comunidade de alfaproteobactérias, em função do cultivo da planta geneticamente modificada.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; biossegurança; DGGE; microrganismos não alvo

Linhas de Pesquisa: Biologia Molecular; Biotecnologia e Biossegurança

Categoria: Iniciação Científica