



Biologia Molecular, Biotecnologia e Biossegurança

Categoria: Iniciação Científica

**Análise via PCR-DGGE da microbiota associada à rizosfera de feijoeiro
Olathe Pinto e Olathe Pinto 5.1 modificado geneticamente para
resistência ao vírus do mosaico dourado**

Beatriz C. A. Cunha¹, Samuel R. Passos², Norma Gouvea Rumjanek³, Gustavo Ribeiro Xavier³

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

²Doutorando do Programa de Pós-graduação em Agronomia, Ciência do Solo, UFRRJ, passos.samuel@gmail.com

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

Uma técnica para análise da comunidade microbiana de amostras ambientais é a DGGE, que através da separação de fragmentos de DNA pode elucidar o efeito da transgenia na comunidade microbiana do solo. O objetivo deste trabalho foi avaliar, por DGGE, a diversidade da microbiota de um Latossolo Vermelho distrófico, típico de Sete Lagoas, MG, quando plantado o feijão Olathe Pinto e Olathe Pinto 5.1 (transgênico) em casa de vegetação, em 2009 e 2010. Vasos com o solo de Sete Lagoas foram semeados com feijão comum e transgênico. Aos 40 dias após o plantio, foi realizada coleta do solo associado à rizosfera. Em laboratório, foi extraído DNA total das amostras do solo com kitMobio. A extração foi comprovada em gel de agarose 0,8%, a 80V. Foi feita análise em PCR para alfaproteobactéria com os primers F203 e R1494. As amplificações foram diluídas 1:50 e usadas em Nested-PCR, com os primers: F968GC e R1401. Os produtos foram aplicados em gel de poliacrilamida 6%, gradiente desnaturante de 52-70% e tampão TAE 0,5X. Eletroforese sob voltagem de 100V (60°C), por 16 horas, e gel corado com prata. Dendrogramas foram gerados com auxílio do programa Gel Compar II versão 3, coeficiente de Jaccard e método de agrupamento UPGMA. Os grupamentos formados têm cerca de 35% de similaridade entre si, em ambos anos de cultivo, não sendo observados grupamentos condicionados em função do cultivo do feijão modificado geneticamente. Não foram observados padrões de grupamentos para o grupo das alfaproteobactérias condicionados pelo cultivo da planta geneticamente modificada.

Palavras-chave:

PCR, 16S rRNA, DGGE, *Phaseolus vulgaris*, alfaproteobactérias.