

**Poster (Painel)**1928-2 **IDENTIFICAÇÃO E DIVERSIDADE DE BACTÉRIAS PROMOTORAS DO CRESCIMENTO VEGETAL ASSOCIADAS AO GIRASSOL**

Autores: Kelly Campos Guerra Pinheiro de Goes (IAPAR - Instituto Agronômico do ParanáUEL - Universidade Estadual de Londrina) ; Karina Maria Lima Milani (UEL - Universidade Estadual de LondrinaIAPAR - Instituto Agronômico do Paraná) ; Erika Mitsuo Kiyoko Teixeira (UEL - Universidade Estadual de LondrinaIAPAR - Instituto Agronômico do Paraná) ; Marco Antônio Nogueira (EMBRAPA-SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; André Luiz Martinez de Oliveira (UEL - Universidade Estadual de Londrina) ; Diva de Souza Andrade (IAPAR - Instituto Agronômico do Paraná)

**Resumo**

Estudos de associações entre microrganismos promotores do crescimento em plantas apresentam um enorme potencial devido aos benefícios dados sobre a produtividade. A crescente importância econômica da cultura do girassol, bem como a necessidade de cultivá-lo em diversos ambientes, torna interessante o estudo da sua interação com Bactérias Promotoras do Crescimento Vegetal (BPCV) que possam ser utilizadas sob diferentes condições de solo. No presente trabalho foram utilizadas a técnica de sequenciamento do gene 16S rRNA e de RAPD para o posicionamento filogenético e a determinação da diversidade genotípica de bactérias promotoras do crescimento vegetal associadas à cultura do girassol. Os isolados foram obtidos de amostras da rizosfera, raiz, capítulo e colmo de duas cultivares de girassol: Hélio 251 e Aguará 3. A extração de DNA foi realizada utilizando fenol-clorofórmio-álcool isoamílico e a amplificação das sequências 16S rRNA dos isolados foi realizada com os iniciadores 27F e 778R, e submetidas ao sequenciamento em sequenciador automático MegaBace 1000. Marcadores moleculares de RAPD foram obtidos para cada BPCV pelo uso dos iniciadores P2, P3, M13 e 1254, e os perfis polimórficos foram utilizados para a construção de um dendrograma de similaridade pelo método UPGMA a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard. As sequências do gene 16S rRNA obtidas foram submetidas a uma análise filogenética hierárquica utilizando o software *RDP-classifier* para a determinação dos prováveis gêneros. As sequências também foram submetidas a uma análise filogenética por inferência bayesiana utilizando espécies-tipo dos gêneros identificados, para identificação das espécies mais prováveis. A análise da diversidade destes isolados por marcadores RAPD permitiu identificar 13 clusters a 85% de similaridade, sendo possível identificar o agrupamento de isolados com relação ao genótipo e ao tecido vegetal de origem. A análise filogenética permitiu posicionar 42 isolados dentro do gênero *Bacillus*, compreendendo as espécies *B. subtilis*, *B. amyloliquefaciens*, *B. cereus*, *B. thuringiensis*, *B. pumilus* e *B. megaterium*. Somente 3 isolados foram classificados fora do gênero *Bacillus*, sendo posicionados no gênero *Methylobacterium* e relacionados à espécie *M. komagatae*.