

**Poster (Painel)****1605-1 Seleção de estirpes *Agrobacterium rhizogenes* para obtenção de raízes Ri T-DNA de milho (*Zea mays*) transformadas.**

Autores: Laiane Silva Maciel (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Meire de Cassia Alves (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Livia Cristina de Souza Gonçalves (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Andréa Almeida Carneiro (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Francisco Adriano de Souza (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária)

**Resumo**

*Agrobacterium rhizogenes* infecta plantas, notadamente dicotiledôneas, provocando um crescimento anormal de raízes, uma patogênese denominada "hairy roots". A infecção por *A. rhizogenes* ocorre através da transferência de um segmento do plasmídeo Ri, denominado T-DNA para o genoma vegetal. Raízes transformadas via *A. rhizogenes* têm inúmeras aplicações biotecnológicas, tais como produção de fármacos, crescimento de microrganismos biotróficos e também estudo de genes expressos em raízes. No entanto, as agrobactérias apresentam baixa eficiência de transformação em gramíneas. Esse estudo teve por objetivo desenvolver um protocolo de transformação de milho (Hi II) por *A. rhizogenes*. Inicialmente, foi avaliada a diversidade genética de 16 estirpes de *A. rhizogenes* [(1) R1601; (2) 2659; (3) 8196; (4) A4; (5) CCT4821-1; (6) CCT4832-3; (7) CCT4842-4; (8) CCT4842-5; (9) A4-B; (10) 8196-B; (11) LBA; (12) A4-C; (13) 2659-B; (14) 15836; (15) 9402; (16) 1601-B] por REP-PCR, sendo selecionadas 4 estirpes que apresentavam maior distância filogenética. Embriões de milho foram tratados com acetoseringona e inoculados com *A. rhizogenes*. O plasmídeo pCambia 3301 contendo o gene repórter  $\beta$ -glucuronidase (*gus*) e fosfinotricina acetiltransferase (*bar*) foi utilizado para a seleção de transformantes. Após testes iniciais, foi selecionada a estirpe *A. rhizogenes* 8196 + pCambia 3301 e foram testadas três concentrações bacterianas (OD 550= 0,1; 0,3 e 0,9) e tempo (3 e 7 dias) de permanência em meio Co-cultivo (CcM). A taxa de crescimento das raízes foi quantificada aos 4, 11 e 21 dias após repicagem. Raízes com taxas de crescimento mais elevadas foram selecionadas para confirmação da transformação. Raízes com melhor desenvolvimento foram obtidas com 3 dias de incubação e OD 550 = 0,1. A expressão do gene *gus* foi transiente nos embriões e não foi detectada nas raízes. A confirmação por PCR dos genes *bar*, *rol B*, *rol C* e *virD1* no genoma vegetal está em andamento. As raízes Ri T-DNA são facilmente cultivadas *in vitro* podendo contribuir para o entendimento da relação funcional de genes expressos nas raízes e a associação entre parasito-hospedeiro.

**Palavras-chave:** biotecnologia, hairy roots, transformação genética