



**Categoria: Iniciação Científica**

**Fixação biológica de nitrogênio**

## **Expressão gênica diferencial em milho inoculado com a bactéria endofítica diazotrófica *Herbaspirillum seropedicae***

Ana Carolina Mendes Bezerra<sup>1</sup>; Gabriela Cavalcanti Alves<sup>2</sup>; Veronica Massena Reis<sup>3</sup>;  
Marcia Soares Vidal<sup>3</sup>, Jean Luiz Simões de Araújo<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Bolsista de iniciação científica Embrapa agrobiologia, carolina\_mendes@ufrj.br

<sup>2</sup>Bolsista de Pós doutorado Embrapa Agrobiologia, gabrielacalves@yahoo.com.br

<sup>3</sup>Pesquisadores Embrapa Agrobiologia, veronica@cnpab.embrapa.br, marcia@cnpab.embrapa.br, jean@cnpab.embrapa.br

O milho pode ser beneficiado pela associação com bactérias endofíticas diazotróficas. No entanto, a maioria dos estudos referentes ao assunto aborda apenas o isolamento e a caracterização das espécies de bactérias capazes de fixar o nitrogênio, havendo, portanto, necessidade de estudos bioquímicos e moleculares sobre a resposta da planta hospedeira a essa associação. Entender os mecanismos moleculares envolvidos na colonização de plantas por essas bactérias é essencial para otimizar a capacidade de fixação biológica de nitrogênio, bem como a capacidade de promoção do crescimento vegetal observada durante essa interação. O objetivo deste estudo foi construir bibliotecas de cDNA de milho, com e sem inoculação, para identificar genes diferencialmente expressos na planta, a partir da inoculação com *Herbaspirillum seropedicae* (BR11417) no genótipo de milho BRS1030. As sementes foram plantadas em substrato esterilizado e inoculadas com 1 mL por semente de uma suspensão celular contendo  $10^8$  –  $10^9$  células da estirpe BR11417. Todos os vasos receberam adubação de 40 kg N/ha. A coleta foi realizada aos 40 dias e, posteriormente, o RNA total foi extraído, quantificado e analisado, quanto à sua integridade e qualidade. O RNA total será utilizado para fazer experimento de PCR em tempo real, utilizando iniciadores específicos para genes potencialmente relacionados com a associação, previamente caracterizados utilizando cDNA-AFLP e micro arranjos. A confirmação do padrão de expressão desses genes é uma etapa importante para estabelecimento de seu papel durante a interação bactéria-planta.

**Palavras-chave:**

fixação biológica de nitrogênio; bactérias endofíticas.