

**TÍTULO:** ESTUDO DA COMUNIDADE BACTERIANA E SELEÇÃO DE BACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO DE PLANTAS ASSOCIADAS A RAÍZES DE *TROPAEOLUM MAJUS* L. (CAPUCHINHA)

**AUTORES:** DAL’RIO, I.<sup>1</sup>; MATEUS, J.R.<sup>1</sup>; SELDIN, L.<sup>1</sup>

**INSTITUIÇÃO:** <sup>1</sup> INSTITUTO DE MICROBIOLOGIA PAULO DE GÓES, UFRJ, RJ;

A capuchinha (*Tropaeolum majus* L.) é uma planta alimentícia não-convencional economicamente importante para a agricultura orgânica, pela presença de flores vistosas que se destacam em projetos de paisagismo e na culinária. Apesar do crescente interesse por essa hortaliça, a microbiota dessa planta ainda é desconhecida e inexplorada. A seleção de Bactérias Promotoras de Crescimento de Plantas (*Plant Growth Promoting Bacteria*, PGPB) provenientes da microbiota indígena da capuchinha pode permitir o desenvolvimento de um bioinoculante com atividade contra fitopatógenos e capaz de favorecer o desenvolvimento da planta. Tendo em vista a relevância da capuchinha para a agricultura orgânica, o presente trabalho tem como objetivos: (i) determinar a estrutura da comunidade bacteriana total associada às regiões rizosférica (R), endofítica (E) e ao solo não rizosférico (S) da capuchinha; (ii) isolar e identificar PGPB da região endofítica da capuchinha e (iii) comparar a comunidade bacteriana total com as PGPB identificadas. Para isso, foram amostradas raízes, solo rizosférico e não rizosférico de cinco plantas de capuchinha cultivadas no Sítio Cultivar em Nova Friburgo, Rio de Janeiro. O DNA total das amostras foi submetido a um sequenciamento em larga escala de parte do gene que codifica para o 16S RNA ribossomal (gene *rrs*). Concomitantemente, foi feito o isolamento de bactérias endofíticas e seleção de PGPB. A análise de alfa-diversidade da comunidade bacteriana total mostrou que há uma redução de diversidade e riqueza da comunidade de S para a de R e de R para E. Já a análise de beta-diversidade mostrou que cada microambiente analisado possui uma comunidade bacteriana característica. Os filos Proteobacteria e Actinobacteria foram dominantes nas três regiões analisadas. O gênero *Pseudomonas* foi o mais dominante na comunidade de S e R, enquanto o gênero *Ralstonia* – que inclui espécies fitopatogênicas – foi o mais abundante na comunidade E. Além disso, 78 estirpes foram isoladas e apresentaram resultados positivos para pelo menos 4 dos 6 testes de seleção de PGPB realizados. As estirpes foram identificadas molecularmente em 11 diferentes gêneros, sendo majoritariamente pertencentes aos gêneros *Serratia*, *Raoultella* e *Klebsiella*. O potencial das estirpes isoladas para serem utilizadas como bioinoculantes está ainda sendo avaliado e mais estudos são necessários para elucidar a relação ecológica entre o gênero *Ralstonia* e a capuchinha.

**Palavras-chave:** capuchinha, PGPB, sequenciamento do 16S rRNA, comunidade bacteriana

**Agências de Fomento:** FAPERJ, CAPES, CNPq