

TÍTULO: DIVERSIDADE DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS EM DIFERENTES GENÓTIPOS DE MILHO

AUTORES: BARROS, P.S.R; SANTOS, L.R.C; MONTEIRO, D. A.; SANTANA, A.C.A.; SANTOS, C.E.R.S; TABOSA, J.N.; FREITAS, A.D.S.; LYRA, M.C.C.P.; RACHID, C. T. C. C.

INSTITUIÇÃO: LABORATÓRIO DE BIOTECNOLOGIA E ECOLOGIA MICROBIANA (LABEM), INSTITUTO DE MICROBIOLOGIA PAULO DE GÓES, DEPARTAMENTO DE MICROBIOLOGIA GERAL, UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO (AVENIDA CARLOS CHAGAS FILHO, 373, BLOCO I055, CEP 21941-599, RIO DE JANEIRO – RJ, BRAZIL); INSTITUTO AGRONÔMICO DE PERNAMBUCO - IPA, RECIFE, PE (AV.GEN. SAN MARTIN 1371, CEP 50761-0000); UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO - UFRPE, RECIFE, PE (RUA DOM MANOEL DE MEDEIROS, S/N, CEP52171-900).

RESUMO:

O milho (*Zea mays* L.) é o principal cereal produzido no Brasil, plantado em grandes quantidades no semiárido do Nordeste. No entanto, como todo cultivo realizado em ambientes semiáridos, os estresses hídricos, salinos e nutricionais, além de doenças causadas por fitopatógenos, acabam limitando o crescimento vegetal e a produção anual dessas culturas. Uma alternativa biotecnológica para aliviar estresses bióticos e abióticos em cultivos é a inoculação dessas plantas com bactérias promotoras do crescimento vegetal, capazes de promover efeitos positivos de crescimento na planta. No entanto, para a seleção dos melhores candidatos para esses inóculos, faz-se necessário o estudo aprofundado da microbiota associada as plantas. Para se estudar o microbioma do milho, este trabalho promoveu o sequenciamento massivo do gene 16S rRNA de raízes e colmo de 4 genótipos de milho (BRS4107, BRS4105, BR5036, BR5037) plantados em duas diferentes regiões do sertão de Pernambuco (Serra Talhada e Araripina). Através da análise de alfa diversidade, foram detectadas diferenças na riqueza de OTUs entre as genéticas (BR5037 mais rica que as demais), e entre os órgãos da planta (raiz mais rica que o colmo). As amostras de colmo apresentaram menor diversidade, em contraste com as raízes, pelo índice de Shannon. Não houve diferenças significativas para índices de alfa diversidade em função do local de plantio. Em relação à beta diversidade, na qual a composição é o principal elemento, o órgão da planta mostrou-se o principal fator de influência entre as comunidades bacterianas, ou seja, as diferenças entre eles sobrepujam as genéticas. No entanto, a área de coleta também foi um fator significativo na definição da comunidade. Mais de 300 gêneros foram identificados nas raízes e colmo do milho. O gênero *Leifsonia*, que possui a espécie fitopatogênica *Leifsonia xyli* foi encontrado em grande abundância entre as amostras (entre 3% e 40%). Nas redes de co-ocorrência das amostras de colmo, este gênero apresentou fortes relações de exclusão mútua com OTUs do grupo das enterobactérias, sugerindo que elas seriam as mais susceptíveis à disbiose causada por esse gênero bacteriano. Outros gêneros de destaque por sua maior abundância foram *Bacillus*, *Klebsiella*, *Streptomyces*, *Bradyrhizobium*, *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Geobacillus*, entre outros. O conhecimento do microbioma do milho será utilizado para a geração de bioinoculantes promotores do crescimento vegetal.

Palavras-chave: comunidade microbiana, *Zea mays* L, sequenciamento do gene 16S rRNA, microbioma de plantas, endofíticos.

Agência financiadora: FACEPE – Fundação de Amparo à Pesquisa de Pernambuco.