



Categoria: Doutorado

Núcleo temático: ABC

Análise dos padrões de expressão diferencial de mRNA e proteína de estirpe HRC54 de *Herbaspirillum seropedicae* em interação com cana-de-açúcar

Daniella Duarte Villarinho Pessoa¹, Marcia Soares Vidal², José Ivo Baldani², Jean Luiz Simões-Araújo²

¹Doutoranda pelo Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal e Bioprocessos, UFRJ;

²Pesquisadores Embrapa Agrobiologia, marcia.vidal@embrapa.br, ivo.baldani@embrapa.br; jean.araujo@embrapa.br.

A cana-de-açúcar, uma das culturas brasileiras mais importantes, tem sofrido uma redução nos seus níveis de produtividade. A aplicação de inoculantes à base de bactérias endofíticas diazotróficas tem sido sugerida como uma alternativa sustentável para promoção do crescimento vegetal. A bactéria *Herbaspirillum seropedicae* é caracterizada por sua interação com gramíneas, sendo uma das espécies utilizadas em inoculantes para cana-de-açúcar. Contudo, ainda existe uma inconsistência da resposta à inoculação, o que torna necessário identificar quais processos metabólicos estão relacionados com a interação planta-bactéria. Para tal, diversas estratégias têm sido utilizadas para o estudo dessa interação, como por exemplo, o cultivo *in vitro* de microrganismos na presença de algum fluido da planta, o que possibilita avaliar o padrão de expressão gênica da bactéria cultivada em uma condição semelhante ao interior da planta. Nesse contexto, foram realizados experimentos de avaliação do transcriptoma e proteoma de *H. seropedicae*, estirpe HRC54, cultivada na presença do líquido apoplástico da variedade BR867515 de cana-de-açúcar. As análises dos dados de transcriptoma mostraram que 137 genes foram diferencialmente expressos, sendo 81 induzidos e 56 reprimidos. Na análise do proteoma diferencial foram identificadas 130 proteínas diferencialmente expressas, onde 73 foram induzidas e 57 reprimidas. Em ambos os experimentos, foram identificados como induzidos genes e proteínas relacionados a sistemas de secreção tipo VI, transportadores de zinco, metabolismo de glutamato e lipases. Classificados como reprimidos, os genes e proteínas identificados são relacionados à quimiotaxia, porinas, glutatona peroxidase e transportadores. A presença do líquido apoplástico de cana-de-açúcar alterou o padrão de expressão de genes e proteínas de HRC54 em vias metabólicas que podem ser importante durante a comunicação microrganismo-planta.

Palavras chave:

bactérias diazotróficas, interação planta-bactéria, expressão gênica.