



**Categoria: Iniciação Científica**

**Núcleo temático: ABC**

## Prospecção de genótipos de *Brachiaria* para conhecimento da comunidade bacteriana associada às suas raízes

Matheus Barbosa Bernardes<sup>1</sup>; Lucas da S. de Oliveira<sup>1</sup>, José Ivo Baldani<sup>2</sup>,  
Marcia Soares Vidal<sup>2</sup>; Marcia Reed Rodrigues Coelho<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Graduando em Ciências Biológicas, UFRRJ, mattbernardes@outlook.com, lucas.biouezo18@gmail.com;

<sup>2</sup>Pesquisadores Embrapa Agrobiologia, ivo.baldani@embrapa.br; marcia.vidal@embrapa.br; marcia.coelho@embrapa.br.

A pecuária extensiva é a forma de criação de bovinos predominante no Brasil, sendo as pastagens sua principal fonte de alimentação. Com o aumento e a valorização de produtos de origem animal como a carne e o leite, ocorreu uma expansão das pastagens brasileiras nas últimas décadas. Entre as gramíneas forrageiras identificadas em território nacional, encontram-se 16 espécies do gênero *Brachiaria*. Dentre essas, destacam-se, na região Amazônica, a *Brachiaria humidicola*, na região central a *Brachiaria decumbens* e nas regiões litorâneas e de solos úmidos a *Brachiaria purpurascens*. Todavia, a maior parte dessas pastagens encontra-se degradada ou em algum estágio de degradação, devido a fatores abióticos, como a baixa fertilidade do solo ou falta de chuvas; bióticos, como doenças e pragas; ou ainda as inadequadas práticas de manejo e pastejo. Assim, estratégias para conservação, manejo e aumento da produtividade das pastagens são, paulatinamente, necessárias no Brasil. Na tomada de decisão dessas estratégias, os microrganismos devem ser considerados por causa de seu importante papel no aumento de fertilidade dos solos e reciclagem de nutrientes, como a fixação do nitrogênio atmosférico em compostos nitrogenados assimiláveis pelas plantas. Desta forma, este trabalho visa fornecer dados sobre a diversidade molecular de bactérias associadas à rizosfera de gramíneas do gênero *Brachiaria*, por métodos independentes de cultivo, para um posterior cultivo e estudo mais aprofundado dessa comunidade. Para tal análise, foram utilizadas 11 amostras de rizosfera de quatro diferentes genótipos de *Brachiaria*: *B. brizantha*, *B. decumbens*, *B. humidicola* e *B. ruzizienses*, provenientes de pastos e do banco de germoplasma (BAG) da Embrapa Gado de Corte em Campo Grande, MS. O DNA foi extraído do solo rizosférico, pelo uso de um kit comercial. Posteriormente, foram realizadas reações de PCR para a amplificação parcial do gene que codifica 16S rRNA, com a utilização dos iniciadores 27F e 1492R. A partir dos produtos obtidos, reações de PCR tipo 'nested' foram conduzidas com os iniciadores F986CG e R1401, em triplicatas. Produtos de PCR foram submetidos à eletroforese em gel de gradiente desnaturante (DGGE) e visualizados em fotodocumentador. Imagens de géis foram analisadas com o auxílio do software *Bionumerics*, montando-se dendrogramas de similaridade. De acordo com as dendrogramas houve coerência entre a maioria das triplicatas e foi possível observar um grande número de bandas, incitando uma alta diversidade nas amostras. Não foi encontrada nenhuma correlação dos perfis com a origem da amostra (BAG e pastejo). Entretanto, foi possível detectarmos quais amostras possuíam maior diversidade e assim selecioná-las para a etapa de identificação dos grupos bacterianos predominantes na comunidade associada às raízes.

**Palavras chave:**  
pastagens, rizosfera, DGGE.