

**MICROBIOLOGIA GERAL / K05 INTERAÇÕES MICROBIANAS**

4542

**Caracterização molecular de microrganismos mineralizadores de fosfato orgânico isolados da rizosfera de milho****SILVA, P. G.<sup>1</sup> ; CARNEIRO, A. A.<sup>1</sup> ; MARRIEL, I. E.<sup>2</sup> ; GOMES, E. A. ; CANIATO, F. F. ;  
PAULA, U. L.<sup>1</sup> ; CARNEIRO, N. P.****Embrapa Milho e Sorgo****1. Embrapa Milho E Sorgo****2. Empresabrazileira De Pesquisa Agropocuária****Resumo:**

A aquisição de fósforo (P) é primordial para o crescimento e o desenvolvimento dos vegetais, desempenhando importantes papéis em funções fisiológicas básicas. Conseqüentemente, o P é um dos nutrientes mais limitantes para a produção agrícola, particularmente nos trópicos. Para manter um ótimo rendimento agrícola, mais de 30 milhões t ano de fertilizantes fosfatados são adicionados aos solos no mundo inteiro. O Po representa até 80% do total de P presente nos solos, sendo que 50% deste estão na forma de fitato, o qual apresenta baixa biodisponibilidade para as plantas. A associação de microrganismos e plantas ao nível da rizosfera é de fundamental importância para aumentar a hidrólise do fitato. Portanto, o objetivo deste estudo foi a caracterização molecular de 45 cepas microbianas capazes de solubilizar o fitato (Na-IHP), isoladas da rizosfera do milho, pelo Laboratório de Microbiologia de Solo da Embrapa Milho e Sorgo. Posteriormente, estas cepas serão utilizadas como fonte de novos genes para o desenvolvimento de plantas com uma maior capacidade para adquirir fosfato de fontes orgânicas. Para a caracterização molecular, DNA total das cepas isoladas foi extraído e amplificado por PCR utilizando os primers universais para rDNA (ITS1 / ITS4 para fungos; F968 / R1401 para bactérias e actinomicetos). Em seguida os fragmentos amplificados foram sequenciados em um sequenciador ABI 3100. As sequências obtidas foram analisadas e comparadas com sequências depositadas no GenBank Nucleotide Database utilizando os programas BLAST e Clustal 1.6. Dentre os microrganismos estudados, foram encontrados fungos mineralizadores de fitato dos gêneros *Aspergillus* (35,7%), *Penicillium* (14,28%), *Eupenicillium* (7,14%), *Paecilomyces* (7,14%) e *Fusarium* (14,28%); bactérias dos gêneros *Amycolatopsis* (10%), *Bacillus* (20%), *Enterobacter* (10%) e *Pseudomonas* (20%) e actinomicetos pertencentes ao grupo dos *Streptomyces* (93,33%).  
Financiamento: Embrapa, CNPq, CAPES, Mcknight Foundation

