

Modelo de Resumo - XXIV Semana Científica Johanna Döbereiner – 2024

XXIV Semana Científica Johanna Döbereiner – 2024

Modulação da expressão gênica em arroz a partir da colonização de estirpes de *Herbaspirillum* spp.

Aline Cristine de Oliveira Teixeira¹; José Ivo Baldani²; Stefan Schwab²

¹Graduada em Ciências biológicas, UFRRJ, alinecristine9122@gmail.com; ²Pesquisador Embrapa Agrobiologia, ivo.baldani@embrapa.br / stefan.schwab@embrapa.br.

O arroz é um dos cereais mais consumidos ao redor do mundo. Como ocorre com a maioria das culturas, sua produção depende da suplementação de nitrogênio, resultando em gastos com insumos químicos e riscos de poluição ambiental. Nesse sentido, estudar as respostas dessa planta à interação com diferentes microrganismos, que atuam como promotores de crescimento vegetal, abre caminho para o desenvolvimento de biofertilizantes mais eficientes, reduzindo a dependência de insumos químicos e promovendo práticas agrícolas mais sustentáveis. Assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a colonização de arroz por estirpes de *Herbaspirillum*. Foi realizado um ensaio em casa de vegetação com o arroz BRS Esmralda, inoculado com as estirpes *H. seropedicae* ZAE25 e ZAE94 e *H. rubrisubalbicans* M1, além de um controle não inoculado. A metodologia de FISH foi utilizada para avaliar qualitativamente a colonização das raízes pelas bactérias. Além disso, RT-qPCR para avaliar o padrão de expressão dos genes para isoformas de bombas de prótons e transportadores de nitrato e amônio de arroz. O RNA total foi extraído das raízes, submetidas à síntese de cDNA, diluído e, em seguida, utilizado nas reações de RT-qPCR com primers específicos cada gene alvo e os normalizadores que tem como alvo a actina e a ubiquitina. Os resultados das análises de FISH mostraram que houve a colonização das raízes pelas estirpes bacterianas. Nas análises de RT-qPCR, observou-se a superexpressão dos transportadores de amônio nos três tratamentos inoculados, amplificação de 6 dos 10 primers para bombas de prótons, com superexpressão em alguns tratamentos, e repressão dos transportadores de nitrato. A modulação da expressão gênica evidenciada neste trabalho pode servir como base para futuros estudos que visem contribuir com uma maior eficiência no uso de nitrogênio pela planta e a redução da necessidade de fertilizantes nitrogenados.

Palavras-chave: RT-qPCR, fixação de nitrogênio, gramíneas, diazotrofos.

Agradecimento aos financiadores do projeto: CNPq-PIBIC.