

## CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA DE BACTÉRIAS FIXADORAS DE NITROGÊNIO ISOLADOS DE PLANTAS DE PAU-RAINHA

Krisle da Silva, Alexandre Cardoso Baraúna, Jerri Edson Zilli

Embrapa RR, Rodovia BR-174 8 km, Distrito Industrial, 69301-970, Boa Vista-RR, [krisle.silva@embrapa.br](mailto:krisle.silva@embrapa.br); Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Rodovia BR 465 - Km 7, Campus Universitário, 23851-970, Seropédica-RJ; Embrapa Agrobiologia, Rodovia BR 465, Km 7, CEP: 23890-000, Seropédica-RJ

*Centrolobium paraense* Tul. conhecida popularmente como pau-rainha é uma leguminosa arbórea nativa de Roraima. Esta espécie tem sido utilizada para fabricação de moradias indígenas, construções de cerca, como combustível, e diversas outras aplicações, além de possuir também importância ecológica para a região. Esta leguminosa estabelece simbiose com bactérias fixadoras de nitrogênio conhecidas como rizóbios. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi caracterizar genotipicamente 25 isolados oriundos de nódulos de pau-rainha coletados em diferentes áreas de Roraima. Para isto, foram selecionados vinte e cinco isolados representantes de seis grupos morfológicos a partir de uma coleção contendo 178 bactérias. Primeiramente, os isolados foram cultivados em meio líquido 79 e o DNA genômico extraído utilizando-se o kit RBC (Bioamerica) seguindo a instruções do fabricante. O gene 16S rRNA foi amplificado utilizando os iniciadores Y1 (TGGCTCAGAACGAACGCTGGCGGC) e B3 (TACCTTGTTACGACTTCACCCCAGTC). O sequenciamento parcial foi realizado utilizando o iniciador Y1 no sequenciador 3730xl. A árvore filogenética do gene 16S rDNA foi construída utilizando o método de neighbor-joining, com 1000 repetições. Para confirmar a capacidade de nodulação os isolados foram autenticados em plantas de *Vigna unguiculata* (L.) Walp., cultivadas em garrafas com solução nutritiva estéril com baixa concentração de nitrogênio. O resultado do sequenciamento do gene 16S rDNA demonstrou que três isolados foram identificados como pertencentes ao gênero *Enterobacter*, dois como *Pantoea* e dois como *Burkholderia*. No entanto, nenhum destes isolados foi capaz de induzir a formação de nódulos em *V. unguiculata*. Dois isolados foram pertencentes ao gênero *Pleomorphomonas*, dois ao gênero *Rhizobium*, 14 pertencentes à *Bradyrhizobium* e todos foram capazes de formar nódulos em *V. unguiculata*. Os 14 isolados identificados como *Bradyrhizobium* se agruparam em três grupos filogenéticos distintos através da análise do gene 16S rDNA. Oito isolados se agruparam com o grupo I de estirpes tipos, que inclui a espécie *B. japonicum*, quatro se agruparam no grupo II, que inclui *B. elkanii* e dois isolados formaram um grupo intermediário entre os *Bradyrhizobium* dos grupos I e II. A análise do gene 16S rDNA revelou a predominância de isolados pertencentes ao gênero *Bradyrhizobium* e que estes podem representar espécies ainda não descritas.

Palavras chaves: *Centrolobium paraense* Tul.; *Bradyrhizobium*; 16S rDNA.  
Apoio financeiro: EMBRAPA.