

DIVERSIDADE GENÉTICA DE BACTÉRIAS PROMOTORAS DO CRESCIMENTO VEGETAL DO GÊNERO *BACILLUS* UTILIZANDO MARCADOR BOX-PCR

Antonia Wiviane de Oliveira Mendes¹; Amanda Karollyne Moraes da Silva²; Beatriz Almeida Lima²; Juliana da Silva Soares²; Paulo Cezar Gomes Pereira³; Alessandra Jackeline Guedes de Moraes⁴.

¹ Graduanda. Universidade do Estado do Pará. antonia.wdomendes@aluno.uepa.br

² Graduanda. Universidade do Estado do Pará

³ Mestre. Universidade Federal Rural da Amazônia.

⁴ Doutora. Universidade do Estado do Pará.

RESUMO

O gênero *Bacillus* é composto por bactérias que apresentam a forma de bastonetes, são Gram-positivas, obrigatoriamente ou facultativamente aeróbias, catalase positivas, produtoras de endósporos e de muitas enzimas, algumas tóxicas. O gênero é conhecido por promover o crescimento vegetal, mediante a produção de fitohormônios e outros mecanismos. A identificação do gênero *Bacillus*, durante muito tempo, foi realizada seguindo características morfológicas e fisiológicas. Entretanto, os recentes avanços em técnicas de biologia molecular vêm permitindo a identificação com mais precisão desse gênero. A amplificação do DNA de *Bacillus* por PCR com o primer BOX (5'-CTACGGCAAGGCGACGCTGACG-3'), que amplifica regiões conservadas e repetitivas do DNA cromossômico bacteriano, se apresenta como uma técnica sensível para estudos iniciais de caracterização genética de isolados bacterianos. Essa metodologia resulta em bandas definidas, em número elevado e com repetitividade, representando um *fingerprinting* genômico confiável e de baixo custo. Este trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade de 20 isolados de bactérias do gênero *Bacillus* promotores do crescimento vegetal, pertencentes à coleção de microrganismos do Laboratório Multiusuário de Biomateriais da UEPA – Campus XX (LMB/UEPA), por meio da técnica de BOX-PCR. No presente estudo, foram caracterizadas bactérias que foram, previamente, testadas em campo e apresentaram a capacidade de promover o crescimento em culturas como arroz (*Oryza sativa* L.) e em mudas de espécies florestais como jatobá (*Hymenaea courbaril* L.), paricá (*Schizolobium parahyba* var. *amazonicum* Huber ex Ducke.), eucalipto (*Eucalyptus urograndis*) e mogno africano (*Khaya grandifoliola* C.DC.). A literatura sobre a técnica de BOX-PCR demonstra que as estirpes da mesma espécie em geral apresentam similaridade superior a 70%. Os dados gerados com o marcador foram analisados por meio do método UPGMA, utilizando-se o coeficiente de similaridade de Jaccard. Considerando-se o índice de similaridade, observou-se a formação de 7 grupos distintos e a formação de 12 haplótipos. Desse modo, a técnica de BOX-PCR mostrou-se eficaz para a detecção da diversidade genética de *Bacillus* promotores do crescimento vegetal. A partir do dendrograma obtido por BOX-PCR, foram selecionadas estirpes representantes dos principais grupos para a realização de outras análises moleculares.

Palavras-chave: Caracterização molecular; Bioestimulante; *Fingerprint* genômico.

Área de Interesse do Simpósio: (Ciências Agrárias)