



Resposta da expressão gênica de *Herbaspirillum seropedicae* na hifosfera de *Trichoderma longibrachiatum* e sua relação com a produção de exsudados do

Alice Ferreira Alves, Cleiton de Paula Soares, Fábio Lopes Olivares

O aproveitamento tecnológico de microrganismos benéficos na agricultura está centrado no desenvolvimento de bioinoculantes. Estes são principalmente formulados por bactérias promotoras do crescimento vegetal (BPCV) e representam um mercado em franca expansão, para além das interações entre rizóbios e plantas leguminosas. Entretanto, a maioria dos estudos avalia o efeito da bactéria isolada e não o efeito de sua interação com outros microrganismos. Por outro lado, microrganismos coabitam e desempenham papéis igualmente significativos em diferentes ecossistemas, sendo capazes de estabelecer diversos tipos de interação. Dessa forma, interações mutualísticas benéficas podem representar uma estratégia importante para o desenvolvimento de produtos tecnológicos aplicáveis a agricultura. O Núcleo de Desenvolvimento de Insumos Biológicos para a Agricultura (NUDIBA) auxilia na busca de uma alternativa sustentável à utilização de agrotóxicos, pela expansão do conhecimento sobre a associação entre microrganismos através da elucidação e caracterização do mecanismo de associação, bem como a interação microrganismo-planta, para uma futura formulação de um biofertilizante misto. Nesse sentido, esse projeto tem como objetivo analisar a expressão dos genes da bactéria *Herbaspirillum seropedicae* na ausência e, na presença do fungo *Trichoderma longibrachiatum* e descrever os compostos exsudados pelo fungo em associação. Para isso, primeiramente, serão 3 amostras, sendo (1) BAC (bactéria), (2) FUN (fungo) e (3) B+F (bactéria e fungo). Será realizada a extração de RNA e sequenciamento das amostras em parceria com a companhia Lactad – Brasil. Após obter as leituras, serão avaliados parâmetros de qualidade da amostra, níveis de expressão gênica diferencial entre os tratamentos, ontologia genética e análise funcional. Por fim, os genes destaques expressos serão validados pela técnica de RT-qPCR. Ademais, será realizada a detecção identificação de ácidos orgânicos para identificar os exsudados fúngicos responsáveis pela interação benéfica entre os microrganismos em específico, visto que se sabe que o fungo é, possivelmente, responsável pelo estímulo químico da relação. Sendo assim, espera-se compreender a interação molecular entre *Herbaspirillum seropedicae* e *Trichoderma longibrachiatum* e mecanismos de quimiotaxia entre os mesmos.

Palavra-chave: fixação biológica de nitrogênio, ecologia microbiana, microbiologia do solo, quimiotaxia, interação bactéria-fungo.