

**DIVERSIDADE DE RIZOBACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO
(RPCP) ATRAVÉS DE ANÁLISE METAGENÔMICA EM SOLOS DE
DOURADOS-MS.**

¹DA SILVA, R. C. (rfluskis@gmail.com); ²PEREIRA, R. M. (poetbr@gmail.com);
¹Discente do curso de Biotecnologia-UFGD/ ²Professor do curso de Biotecnologia-UFGD.

Gerenciar a atividade agrícola é uma atividade intensamente ligada à sustentabilidade, tecnologia e práticas racionais de manejo do solo. Tais práticas possuem impacto na diversidade dos micro-organismos, que são imprescindíveis na ciclagem dos nutrientes e em interações com os cultivares. Uma dessas práticas é o plantio direto, que se consiste em semear diretamente nos resíduos do último plantio. Micro-organismos associados à região da raiz estão diretamente ou indiretamente envolvidos ao crescimento de plantas e ao seu desenvolvimento através da produção e secreção de vários compostos, no auxílio à aquisição de nutrientes (fósforo, nitrogênio e minerais essenciais), na modulação de rotas metabólicas e reduzindo o prejuízo causado por fitopatógenos ao crescimento. O objetivo do presente trabalho foi identificar e quantificar as rizobactérias promotoras de crescimento de plantas (RCPCs) em plantio direto e mata nativa. Através da metodologia metagenômica, DNA foi extraído de dois solos da EMBRAPA-CPAO na região de Dourados/MS. O primeiro solo possui histórico de 20 anos de plantio direto (PD), e o outro de cobertura nativa de floresta semi-decídua (MN) da mesma região. Sequenciou-se o DNA através da técnica WGS (*Whole Genome Shotgun*), na qual todo o material genético é amplificado. Utilizou-se o *PrinSeq* para podar as sequências, realizou-se o *Assembly de novo* com o software *IDBA-UD*. Filtrou-se as ORFs com o software *FragGeneScan*, e enviou-se ao servidor MG-RAST para a realização da identificação e obtenção do perfil de proporções de sequências entre os dois solos, utilizando-se o banco M5NR. Delineou-se um perfil para bactérias em nível de espécie foi importado em um banco de dados SQL e foram realizadas buscas (query) a partir da literatura de bactérias promotoras de crescimento de plantas, comparando-se a abundância relativa entre os dois solos.

De 123394 ORFs enviadas para identificação, 28572 são sequências de RCPCs. O solo MN apresentou um total de 8279 sequências das quais 51 são espécies distintas, enquanto o solo PD apresentou 20293 sequências das quais 55 são espécies distintas de rizobactérias promotoras de crescimento. A maior diferença de abundância foi verificada no solo PD, que apresentou uma abundância de quase quatro vezes em sequências de *Pseudomonas fluorescens* em relação ao solo MN. Essa bactéria possui função siderófora, carreadora de ferro, mineral essencial para o desenvolvimento vegetal. Também possui função 1-aminociclopropane-1-carboxilato (ACC) deaminase. Além disso, está relacionada à solubilização do fosfato, facilitando a absorção pela região da rizosfera. Além disso, a presença desse micro-organismo induz resistência sistêmica, ligada a atividade antifúngica.

Palavras-chave: Bioinformática, NGS, microbiologia do solo.