

## **ANÁLISE METAGENÔMICA DO GÊNERO RHIZOBIUM EM SOLOS DE MATA NATIVA E PLANTIO CONVENCIONAL**

**JULIÃO, Maria Heloisa Moreno**<sup>1</sup> (mhmjuliao@gmail.com); **ZANETTI, Géssica Tais**<sup>1</sup> (geeh\_cnp@hotmail.com); **PEREIRA, Rodrigo Matheus** ([rodrigopereira@ufgd.edu.br](mailto:rodrigopereira@ufgd.edu.br)).

<sup>1</sup> Discente do curso de Bacharelado em Biotecnologia da UFGD - Dourados;

<sup>2</sup> Docente do curso de Bacharelado em Biotecnologia da UFGD – Dourados;

O nitrogênio (N) é o nutriente responsável pelo crescimento das plantas, pela produção de novas células e tecidos, além de promover a formação de clorofila, um pigmento verde encontrado nas folhas que captura a energia do sol. Além disso, é um dos nutrientes mais utilizados pelas plantas, o mais absorvido e o mais exportado pelas culturas, o nutriente de obtenção mais cara e o mais lixiviado nos solos, requerendo cuidados especiais em seu manejo pelos riscos de contaminação do lençol freático. Existe uma interação complexa e específica entre as bactérias do solo pertencentes aos gêneros *Rhizobium*, *Sinorhizobium*, *Mesorhizobium*, *Phylorhizobium*, *Bradyrhizobium* e *Azorhizobium*, comumente conhecidos como rizóbios, e suas plantas hospedeiras resultam no desenvolvimento de nódulos radiculares que irão promover a fixação do nitrogênio. Todos os organismos que efetuam a Fixação Biológica do Nitrogênio (FBN), chamados de organismos diazotróficos, são procariotos e recorrem à enzima nitrogenase para realizarem o processo de fixação. O objetivo do presente trabalho foi identificar as rizobactérias fixadoras de nitrogênio nas plantas em solos de plantio convencional e mata nativa. Através da metodologia metagenômica, o DNA foi extraído de dois solos da EMBRAPA-CPAO na região de Dourados/MS. 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 com o software IDBA-UD. Filtrou-se as ORFs com o software FragGeneScan, posteriormente enviadas 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, estimando máximo valor de e-value como 1e-5 e um mínimo de porcentagem de identidade entre os metagenomas escolhidos e os contidos no BLAST de 60%. Com a ajuda do programa STAMP (Statistical Analysis of Metagenomic Profiles), as análises estatísticas dos dois metagenomas de solos de Dourados/MS, de mata nativa e de plantio convencional foram realizadas a partir dos resultados do MG-RAST. O teste do qui quadrado foi realizado nas análises taxonômicas e o método de ajuste de confiança do intervalo de valores de P (0.95) com base no teste de Bonferroni. Considerou-se o P <0,05 como estatisticamente significativo. Constatou-se estatisticamente que em solo de mata nativa, estiveram presentes em maior proporção as espécies *Rhizobium sp.*, *Sinorhizobium fredii* e *Bradyrhizobium japonicum*, destacando-se a última com 43,9%. Este solo constitui um testemunho das condições encontradas antes da ocupação agrossilvopastoril. Já no solo de plantio convencional, onde se utilizam técnicas tradicionais de preparo do solo e controle fitossanitário, exigindo que a terra seja arada e gradeada, para posteriormente efetuar o plantio, estão presentes em maior proporção as espécies *Bradyrhizobium sp.*, *Sinorhizobium medicae* e *Rhizobium etli*.

**Palavras-chave:** bioinformática, stamp, mg-rast.