

PROSPECÇÃO METAGENÔMICA DE MICRORGANISMOS FIXADORES DE NITROGÊNIO NA RIZOSFERA DE GUAVIRA (*Campomanesia adamantium*)

SILVA, Rafael Correia da¹ (rcs.biotec@gmail.com); PEREIRA, Rodrigo Matheus² (rodrigopereira@ufgd.edu.br)²

¹ Discente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados; PIVIC/UFGD;

² Docente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados

Resumo: Guavira (*Campomanesia adamantium*) é uma planta do cerrado de grande potencial econômico, devido às suas propriedades sensoriais e atributos nutricionais e atividade anti-inflamatória e antinociceptiva. Os estudos em plantas medicinais e etnobotânicos com frequência tem ênfase nos fitoquímicos bioativos, mas o foco têm mudado devido ao reconhecimento de que um número significativo desses compostos é produzido por associação com microrganismos. Sendo assim, o escopo do presente trabalho é a rizosfera, região do volume de solo aderido às raízes da planta Guavira, no qual ocorre a rizodeposição – emissão de exsudatos que realizam a seleção dos microrganismos que ficarão aderidos à raiz, e nosso objetivo principal foi o de descrever a comunidade da rizosfera em termos de taxonomia de microrganismos, enfatizando-se aqueles fixadores de nitrogênio. Para a análise foi utilizada a técnica Metagenômica, que consiste na extração do DNA dos microrganismos ali presentes, seguido de sequenciamento do DNA e análises de bioinformática, que permitem associar taxonomia ao DNA sequenciado através de comparação com bancos de dados e outros pacotes de software. Sendo assim, solos foram retirados de 03 plantas de Guavira, além de 03 outros locais próximos (testemunho). O material genético foi extraído dos solos, amplificou-se as regiões hipervariáveis v4 e v5 do gene 16S ribossomal, e então, foram sequenciados através de Ion Torrent Personal Genome Machine (ThermoFisher), gerando-se 240 mil sequências. Essas sequências foram trabalhadas com a pipeline (canalização) sugerida pelo Brazilian Microbiome Project – Onde as sequências foram convertidas para o formato fasta, organizadas em agrupados (clusters), removidas desses agrupados as quimeras, atribuídas unidades taxonômicas operacionais (OTUs) às sequências, assim como taxonomia e alinhamento com o pacote de software QIIME. Foi possível verificar o efeito da rizosfera a nível de gênero, mas a resolução desse efeito a nível de filo não se verificou com tanta intensidade. Os principais filos encontrados foram: Proteobacteria e Actinobacteria, enquanto que foi possível encontrar bactérias das famílias: Solibacteraceae, uma acidobactéria típica de solos de pH ácido; Frankiaceae, uma família de bactérias nitrificantes, típica de associações de rizosfera); Bradyrhizobiaceae, também uma das principais nitrificantes, encontrada em associações simbióticas com legumes; entre outras famílias típicas de raiz.

Palavras-chave: Rizodeposição, micro-organismos de solo, bioinformática.