

## METAGENOMA DA RIZOSFERA DE MANDACARU NA CAATINGA

\*Clederson Ferreira<sup>1,2</sup>, Rodrigo G. Taketani<sup>2</sup>, João L. da Silva<sup>2</sup>, Carlos A.T. Gava<sup>3</sup>, Itamar S. Melo<sup>2</sup>, Rodrigo Mendes<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>ESALQ-USP - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, SP.

<sup>2</sup>Embrapa Meio Ambiente - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Jaguariúna, SP.

<sup>3</sup>Embrapa Semiárido - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Petrolina, PE.

Variações climáticas como a seca e altas temperaturas da região do nordeste brasileiro caracterizam o bioma caatinga. Esse ambiente ainda guarda grande riqueza biológica que diminui ao nível que aumenta o processo de desertificação. Essas características junto com as chuvas sazonais exigem muito da vegetação local, evidenciando a presença de plantas caducifólias e cactáceas. Neste contexto, destaca-se o mandacaru (*Cereus jamacaru*) da família Cactaceae, resistente a seca e altamente adaptado às condições impostas pelo clima semiárido. Considerando que os micro-organismos associados às plantas em condições extremas também desenvolvem mecanismos de adaptação às condições adversas, esse estudo é importante para acessar o microbioma da rizosfera que auxilia a sobrevivência de mandacaru nas condições climáticas da Caatinga. O solo rizosférico utilizado foi coletado em triplicata a partir de três plantas distintas de mandacaru localizadas em Petrolina (PE). Após a coleta fizemos o isolamento do DNA por meio de kit de extração e para o sequenciamento metagenômico das amostras usamos o sequenciador PGM Ion Torrent. Os dados foram então, classificados pelo MG-RAST, que utiliza um conjunto de ferramentas exclusivas onde compara os fragmentos com diversos bancos de dados. Analisando os dados gerados, onde foram geradas mais de um milhão de sequências com um comprimento médio de 160 pb, capazes de representar a estrutura da comunidade microbiana da rizosfera associada ao mandacaru. No geral, o microbioma foi dominado por bactérias (90%), constituindo como os filos mais abundantes, Proteobacteria (38%), Actinobacteria (34%) e Firmicutes (5%). Em relação à distribuição das categorias funcionais encontradas no COG (Cluster of Orthologous Group), foram encontradas mais de 180 mil funções, sendo aproximadamente 19% relacionadas aos mecanismos de defesa, tradução, transdução e envelopamento de proteína, 17% com alguma função desconhecida e mais de 47% relacionadas a produção, conversão e transporte de aminoácidos, revelando a diversidade da rizosfera do mandacaru.

Palavra chave: Caatinga, rizosfera, Ion Torrent e metagenoma.

Apoio financeiro: FPESP e Embrapa.

\*Contato Clederson: ferreiracl@usp.br