



Categoria: Iniciação Científica

Núcleo temático: ABC

Análise da diversidade bacteriana associada a raízes de *Paspalum regnellii* baseada em Sequenciamento de Nova Geração (NGS)

Lucas da Silva Oliveira¹; Matheus B. Bernardes²; José Ivo Baldani³; Marcia Reed R. Coelho³; Marcia Soares Vidal³

¹Graduando de Ciências Biológicas, UFRRJ, lucas.biouezo18@gmail.com; ²Graduando de Ciências Biológicas, UFRRJ, mattbernardes@outlook.com; ³Pesquisadores Embrapa Agrobiologia, ivo.baldani@embrapa.br, marcia.coelho@embrapa.br, marcia.vidal@embrapa.br

O Brasil é atualmente o segundo maior produtor e o maior exportador mundial de carne bovina, sendo que quase toda a sua produção é feita em pastos, muitos deles encontrando-se degradados ou em processo de degradação. Este fato faz com que a conservação dos pastos seja um fator crítico para a pecuária nacional, principalmente quando se pensa no aumento da produtividade. Uma característica relevante nas pastagens brasileiras é a substituição do uso de pastagens naturais por pastagens plantadas e inclusão de espécies pertencentes ao gênero *Paspalum* no leque de opções para a implantação de uma pastagem, uma vez que esta forrageira apresenta um elevado grau de adaptabilidade aos diversos ecossistemas brasileiros. É sabido que as gramíneas forrageiras, incluindo *Paspalum*, apresentam uma associação rizosférica e/ou endofítica com bactérias promotoras de crescimento vegetal (BPCV) e, que os resultados positivos desta associação podem auxiliar tanto no processo de estabelecimento quanto na manutenção das pastagens, evitando deste modo o processo de degradação das mesmas. Diante disso, explorar a comunidade bacteriana contida nos solos e/ou em associação com raízes de gramíneas forrageiras poderia levar ao desenvolvimento de uma estratégia sustentável para o incremento de produtividade nas pastagens, através por exemplo do aumento da tolerância a estresses bióticos e abióticos, ou da maior disponibilização de nutrientes. Sendo assim, o presente trabalho tem por objetivo caracterizar a diversidade bacteriana associada a raízes de *Paspalum regnellii* cultivado sob diferentes formas de manejo empregando estratégia independente de cultivo. Para tal, o DNA total foi extraído com o kit Fast DNA Spin Kit for Soil das 27 amostras de solo rizosférico das três amostras de *P. regnellii* coletadas em três sub-áreas das três áreas de manejo [Sistema de produção de corte (C), de leite (L) e pivô central (P)]. O DNA total, após avaliação da qualidade e quantidade, foi empregado como molde na amplificação pela reação em cadeia da polimerase (PCR) com os oligonucleotídeos iniciadores que amplificam a região V4 do gene 16S rRNA (515FBCXX e 806R). Estes amplicons, serão posteriormente submetidos a reações de sequenciamento na plataforma IonProton e, as sequências geradas serão comparadas utilizando programas específicos. Até o momento, já foram estabelecidas as condições de reação para o emprego de 10 combinações de iniciadores com código de barras das 27 combinações necessárias, sendo que somente duas amostras foram amplificadas até o momento (C1.1 e C2.1). Com este estudo será possível não só caracterizar a comunidade bacteriana associada às raízes de *P. regnellii* como também identificar os grupos mais abundantes e, que poderiam ser estudados com mais profundidade com vistas a produção de um biofertilizante.

Palavras chave:
microbioma, *Paspalum*, 16S rDNA.