

Poster (Painel)**1640-1 Descoberta da Dinâmica do Microbioma da Rizosfera de Mandacaru na Caatinga**

Autores: Ferreira C. (ESALQ/USP - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/EMBRAPA MEIOAMBIENTE - Embrapa Meio Ambiente) ; Taketani, R.G. (EMBRAPA MEIOAMBIENTE - Embrapa Meio Ambiente) ; Silva, J. L. (EMBRAPA MEIOAMBIENTE - Embrapa Meio Ambiente) ; Gava, C. A.T. (EMBRAPA SEMIÁRIDO - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Lopes, L. D. (ESALQ/USP - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz) ; Melo, I. S. (EMBRAPA MEIOAMBIENTE - Embrapa Meio Ambiente) ; Mendes, R. (EMBRAPA MEIOAMBIENTE - Embrapa Meio Ambiente)

Resumo

A Caatinga, um bioma exclusivamente brasileiro, está inserida no clima semiárido nordestino e é caracterizado por períodos de seca, altas temperaturas e chuvas sazonais. Tem sido ameaçada pela desertificação e pelas mudanças climáticas nos últimos anos. Enquanto a flora, que é dominada por xerófitas, é bem conhecida, há pouca ou nenhuma informação sobre as comunidades microbianas associadas a estas plantas. O mandacaru (*Cereus jamacaru*) é uma das plantas cactáceas mais conhecidas e representativas deste bioma. Portanto, o objetivo deste estudo é acessar o microbioma da rizosfera do mandacaru em duas distintas estações do ano. Para isso, amostras da rizosfera de três plantas, localizadas em Petrolina (PE), foram coletadas durante as estações da chuva e da seca, a fim de identificar a variação da estrutura da comunidade bacteriana ao longo das duas temporadas. Após a coleta e isolamento do DNA das amostras, foi feita a amplificação do gene rRNA 16S de *Bacteria* e utilizado no sequenciador Ion Torrent (PGM) para o sequenciamento das amostras. Os dados foram trabalhados primeiramente por meio da plataforma Galaxy e classificados no algoritmo *Classifier* do banco de dados do servidor RDP. Foi gerada uma quantidade de 103.265 reads na saída do PGM Ion Torrent. Mais de 82,5 mil sequências foram anotadas no domínio *Bacteria*, onde, em média, 47% das sequências não foram classificadas em um filo específico, enquanto as outras se distribuíram pelos filos *Actinobacteria* (21,59% seca; 21,39% chuva), *Proteobacteria* (17% seca; 16,17% chuva), *Firmicutes* (9,5% seca; 11,1% chuva) e vários outros com menores abundâncias. Apesar de os filos de maior abundância terem apresentado proporções semelhantes entre as estações do ano, outros mostraram mudanças quanto à sazonalidade, como *Acidobacteria* (1,37% seca; 2,21% chuva), *Bacteroidetes* (1,22% seca; 0,6% chuva) e *Verrucomicrobia* (1,16% seca; 0,68% chuva). Mesmo observando algumas variações no nível de filo, análises mais profundas serão feitas para a verificação da dinâmica bacteriana em táxons mais inferiores, onde alterações mais drásticas poderão ser detectadas no microbioma da rizosfera do mandacaru.