

XU Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de Iniciação Científica da UENF

20^o

Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

16^o

Jornada de Iniciação Científica da UFF



UIII Congresso Fluminense de Pós-Graduação

23^a

Mostra de Pós-Graduação da UENF

8^a

Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

8^a

Mostra de Pós-Graduação da UFF

Análise metagenômica do bacterioma residente de *Zea mays* L.

Sarah Henaut Jacobs, Beatriz Elisa Barcelos Cyríaco, Fábio Lopes Olivares, Thiago Motta Venancio

O milho (*Zea mays* L.) é um dos mais antigos modelos para estudo de genética e citogenética, além de ser uma commodity muito importante para a economia brasileira. O microbioma é caracterizado pelo conjunto de microrganismos presentes em uma amostra, e em plantas pode influenciar mecanismos de defesa e contribuir para o desenvolvimento da mesma. O microbioma residente é aquele transferido verticalmente da planta mãe para a semente, estando comumente associado ao seu desenvolvimento inicial e à proteção contra patógenos. A metagenômica é a ciência que avalia microbiomas, ela consiste em análises de todo o material genético do material selecionado, identificando bactérias, fungos e vírus presentes em uma amostra. Neste trabalho iremos identificar e caracterizar o microbioma residente de duas variedades de milho (o híbrido SHS 5050 e o crioulo Sol da Manhã) com o objetivo de encontrar semelhanças e diferenças entre eles, assim poderemos caracterizar o microbioma *core* (compartilhado entre as variedades) do milho, bem como aquele exclusivo a cada uma das variedades. A partir das análises funcionais dos genes identificados, tentaremos inferir a contribuição dos microbiomas residentes para a fisiologia do milho. Para a realização deste experimento, as sementes das variedades de milho escolhidas foram plantadas em substrato esterilizado e em ambiente isolado para evitar contaminações. O material da rizosfera das diferentes variedades foi coletado, isolado e sequenciado para identificação da microbiota. Os dados de sequenciamento foram filtrados eliminando possíveis contaminações. Dados genômicos serão avaliados para análise de funcionalidade e diversidade, assim como para a montagem de MAGs (Metagenome Assembled Genomes), buscando montar genomas, principalmente, de espécies não cultiváveis. A beta diversidade das comunidades de diferentes variedades será analisada, com uma análise profunda das comunidades não sobrepostas. Entre os resultados aqui obtidos está a possibilidade de desenvolvimento de inoculantes baseados em características variedade-específicas associadas à microbiota, como uma maior produtividade ou resistência a patógenos.

*Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF
Eixo temático: 4.2 UENF - PPG Biotecnologia Vegetal
Fomento da bolsa (quando aplicável): FAPERJ*

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



**XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica**

28^o
Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o
Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a
Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



**UIII Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação**

23^a
Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a
Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a
Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

Resident microbiome metagenomics analysis of *Zea mays* L.

Sarah Henaut Jacobs, Beatriz Elisa Barcelos Cyríaco, Fábio Lopes Olivares, Thiago Motta Venancio

Maize (*Zea mays* L.) is one of the oldest models for studying genetics and cytogenetics, in addition to being a very important commodity for the Brazilian economy. The microbiome is characterized by the set of microorganisms present in a sample, and in plants it can influence defense mechanisms and contribute to its development. The resident microbiome is transferred vertically from the mother plant to the seed, and is commonly associated with its initial development and protection against pathogens. Metagenomics is the science that evaluates microbiomes, it consists of analyzes of all the genetic material of a sample, identifying bacteria, fungi and viruses present in it. In this work we will identify and characterize the resident microbiome of two maize varieties (the hybrid SHS 5050 and the landrace Sol da Manhã) in order to find similarities and differences between them, so we can characterize the core microbiome (shared between the varieties) of the maize, as well as the one exclusive to each of the varieties. From the functional analyzes of the identified genes, we will try to infer the contribution of the resident microbiomes to the maize physiology. To carry out this experiment, the seeds of the chosen corn varieties were planted in a sterilized substrate and in an isolated environment to avoid contamination. The material from the rhizosphere of the different varieties was collected, isolated and sequenced to identify the microbiota. Sequencing data was filtered to eliminate possible contamination. Genomic data will be evaluated for functionality and diversity analysis, as well as for the assembly of MAGs (Metagenome Assembled Genomes), seeking to assemble genomes, mainly, of non-cultivable species. The beta diversity of communities of different varieties will be analyzed, with a deep analysis of non-overlapping communities. Among the results obtained here is the possibility of developing inoculants based on variety-specific characteristics associated with the microbiota, such as greater productivity or resistance to pathogens.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

