

**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

Estudo da mobilidade simbiótica e transferência horizontal de genes em rizóbios de soja

Rita de Kássia Guarnier da Silva, Derivaldo Pureza da Cruz, Geraldo de Amaral Gravina, Cláudia Pozzi Jantália, Jerri Edson Zilli, Jason Terpolilli e Graham O'Hara

A soja (*Glycine max*) é uma das principais culturas agrícolas no Brasil, em grande parte devido a uma estratégia de inoculação bem organizada, com uma variedade de cepas inoculantes altamente eficientes. Quatro cepas de *Bradyrhizobium* sp. (SEMIA 587, 5019, 5079 e 5080) são usadas como inoculantes e são recomendadas para o cultivo da soja brasileira desde 1992. Em contraste, a produção de soja na Austrália é relativamente pequena em comparação com outros países produtores. No entanto, a produção aumentou nos últimos anos devido à crescente demanda por produtos de soja para consumo alimentar e biocombustíveis. A produção australiana de soja está concentrada nos estados de Queensland e New South Wales. A Austrália usa cepas de *Bradyrhizobium japonicum* (CB1809) como inoculante comercial para soja desde 1960. Os rizóbios nativos em ambos os países parecem incapazes de nodular a soja, porém no Brasil existem agora vários relatos de rizóbios geneticamente distintos para cepas de inoculantes sendo isolados da soja inoculada. Como eles evoluíram e com que eficiência eles consertam o N₂ é atualmente desconhecido. Na Austrália, não há investigações genéticas recentes sobre a diversidade de rizóbios noduladores da soja em áreas de cultivo dessa leguminosa de grãos. Portanto, este estudo tem como objetivo avaliar a diversidade genética e a eficiência de rizóbios noduladores de soja amostrados de soja cultivada no Brasil e na Austrália. Várias cepas isoladas do Brasil, bem como cepas capturadas e/ou isoladas de áreas de cultivo de soja na Austrália serão primeiro autenticadas e depois genotipadas. Os isolados serão agrupados com base em seu padrão de impressão digital RAPD e novos isolados que diferem fenotipicamente e genotipicamente da cepa inoculante serão escolhidos para sequenciamento de todo o genoma usando a plataforma Illumina. Os genomas das novas linhagens sequenciadas serão descritos para identificar a origem dos genes da simbiose, através da comparação de linhagens bem caracterizadas de *Bradyrhizobium* e a sequência genômica recém-concluída do genoma do inoculante de soja CB1809, bem como USDA110 (Kaneko, 2002) e USDA122 (Sugawara, 2017), com o fundo cromossômico caracterizado usando um script personalizado desenvolvido por Colombi et al. (2021). A investigação de genes simbióticos será conduzida extraíndo genes simbióticos e gerando dados para posterior análise genômica. A análise genômica será complementada com uma avaliação em estufa da eficácia da fixação simbiótica de N₂ das novas cepas. A partir desses dados, será determinado o impacto da transferência simbiótica horizontal de genes na eficiência da fixação de N₂.

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Programa de Pós Graduação em Produção Vegetal & Murdoch University – Center For Rhizobium Studies.

Eixo temático: Microbiologia

Fomento da bolsa: CAPES - PSDE

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

Study of symbiotic mobility and horizontal gene transfer in soybean rhizobia

Rita de Kássia Guarnier da Silva, Derivaldo Pureza da Cruz, Geraldo de Amaral Gravina, Cláudia Pozzi Jantália, Jerri Edson Zilli, Jason Terpolilli e Graham O'Hara

Soybean (*Glycine max*) is one of the main agricultural crops in Brazil, due in large part to a well-organised inoculation strategy, with a range of highly efficient inoculant strains. Four strains of *Bradyrhizobium* sp. (SEMIA 587, 5019, 5079, and 5080) are the recommended inoculant strains for the cultivation of Brazilian soybeans since 1992. In contrast, soybean production in Australia is relatively small compared to other producing countries. However, production has increased in recent years due to the growing demand for soy products for food consumption and biofuels. Australian soybean production is concentrated in the states of Queensland and New South Wales. Australia has used *Bradyrhizobium japonicum* CB1809 as the commercial inoculant for soybean since 1960. Native rhizobia in both countries appear unable to nodulate soybean, however in Brazil there are now several reports of rhizobia genetically distinct to inoculant strains being isolated from inoculated soybean. How they evolved and how efficiently they fix N_2 is currently unknown. In Australia, there has been no recent genetic investigations into the diversity of soybean nodulating rhizobia in areas of cultivation of this grain legume. Therefore, this study will assess the genetic diversity and efficiency of soybean nodulating rhizobia sampled from cultivated soybean from both Brazil and Australia. Several strains isolated from Brazil as well as strains trapped and/or isolated from soybean-growing areas of Australia will first be authenticated and then genotyped. Isolates will be grouped based on their RAPD fingerprint pattern and new isolates that differ phenotypically and genotypically from the inoculant strain will be chosen for whole-genome sequencing using the Illumina platform. The genomes of the new sequenced lines will be described to identify the origin of the symbiosis genes, through the comparison of well-characterized *Bradyrhizobium* lines and the recently completed genomic sequence of the CB1809 soybean inoculant genome, as well as USDA110 (Kaneko, 2002) and USDA122 (Sugawara, 2017), with the chromosomal background characterized using a custom script developed by Colombi et al. (2021). The investigation of symbiotic genes will be conducted by extracting symbiotic genes and generating data for further genomic analysis. The genomic analysis will be complemented with a glasshouse-based evaluation of the symbiotic N_2 -fixation efficacy of the new strains. From these data, the impact of horizontal symbiotic gene transfer on the efficiency of N_2 -fixation will be determined.

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro- Programa de Pós Graduação em Produção Vegetal & Murdoch University – Center For Rhizobium Studies.
Eixo temático: Microbiologia. Fomento da bolsa: CAPES - PSDE

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

