



ANÁLISE POPULACIONAL DE ENDOFÍTICOS EM VASOS DO FLOEMA DE LARANJA DOCE

Paulo Victor Maciel **Nascimento**¹; Helena Santiago **Lima**²; Cristina de Paula Santos **Martins**³;
Marco Aurélio **Takita**⁴

Nº 24136

RESUMO – A interação entre microrganismos endofíticos e planta hospedeira é considerada uma relação simbiótica benéfica, formando um complexo conhecido como “microbioma”. Com o intuito de verificar o efeito de MqsR, toxina de *Xylella fastidiosa* que atua sobre outras bactérias, em populações bacterianas do floema de laranjas doce (*Citrus sinensis* L. Osbeck), plantas da variedade Pineapple transformadas com o gene *mqsR* de *X. fastidiosa* desenvolvidas no CCSM/IAC foram usadas para estudo de populações de endofíticos. Com a hipótese de que essas plantas geneticamente modificadas sofreram alteração em seu microbioma do floema, foi realizado um estudo para identificar-se diferenças entre as populações de plantas transformadas e o controle não transformado. Para tanto, foi feita a amplificação parcial da região 16s rRNA por PCR e, posteriormente, a clonagem do amplicon em pGEM-T. O sequenciamento revelou alto índice de contaminação com DNA de cloroplastos, destacando a necessidade de uma abordagem alternativa para garantir maior precisão e obter resultados mais confiáveis na identificação dos microrganismos. Não obstante, foi realizado isolamento de bactérias e sua caracterização inicial.

Palavras-chaves: Endofíticos, Microbioma, 16s rRNA, Sequenciamento.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Bacharelado em Biotecnologia, UFSCar, Araras-SP; paulo.maci@estudante.ufscar.br

2 Colaborador, Bolsista Pós-Doutorado FAPESP do Instituto Agrônomo de Campinas, Cordeirópolis-SP; hsantiagolima@gmail.com

3 Colaborador, Bolsista Pós-Doutorado FAPESP do Instituto Agrônomo de Campinas, Cordeirópolis-SP; martinscps1@gmail.com

4 Orientador: Pesquisador do Instituto Agrônomo de Campinas, Cordeirópolis-SP; marco.takita@ccsm.br



ABSTRACT – *The interaction between endophytic microorganisms and the host plant is considered a beneficial symbiotic relationship, forming a complex known as the “microbiome.” To verify the effect of MqsR, a toxin from Xylella fastidiosa that acts on other bacteria, on bacterial populations in the phloem of sweet oranges (Citrus sinensis L. Osbeck), Pineapple variety plants transformed with the mqsR gene from X. fastidiosa developed at CCSM/IAC were used to study endophytic populations. With the hypothesis that these genetically modified plants underwent alterations in their phloem microbiome, a study was conducted to identify differences between the populations of transformed plants and the non-transformed control. Partial amplification of the 16s rRNA region by PCR was performed, followed by cloning of the amplicon into pGEM-T. Sequencing revealed a high level of contamination with chloroplast DNA, highlighting the need for an alternative approach to ensure greater accuracy and obtain more reliable results in microorganism identification. Nevertheless, bacteria were isolated and initially characterized.*

Keywords: Endophytes, Microbiome, 16s rRNA, Sequencing.