

Relações microbioma-metaboloma na halófita *Salicornia ramosissima*

Maria J. Ferreira¹, Isabel N. Sierra-Garcia¹, António Louvado¹, Sandro Figueiredo¹, Carla Patinha²,
Diana C. G. A. Pinto³, Javier Cremades⁴, Helena Silva¹ e Ângela Cunha¹

¹Departamento de Biologia & Centro de Estudos do Ambiente e do Mar (CESAM), Universidade de Aveiro, Campus de Santiago, 3810-193 Aveiro, Portugal ²Departamento de Geociências & Geobiotec, Universidade de Aveiro, Campus de Santiago, 3810-193 Aveiro, Portugal ³LAQV-REQUIMTE & Departamento de Química, Universidade de Aveiro, Campus de Santiago, 3810-193 Aveiro, Portugal, ⁴Centro de Investigaciones Científicas Avanzadas (CICA), Universidade de A Coruña, 15071 A Coruña, Spain

Contexto

- Os microrganismos do fitomicrobioma, desenvolvem relações de benefício mútuo com as plantas hospedeiras, contribuindo para o seu crescimento, adaptação a stresse e defesa contra agentes fitopatogénicos.
- Os mecanismos de comunicação entre a planta hospedeira e as bactérias endofíticas envolvem a expressão de metabolitos por ambos os parceiros, e são modulados pelo contexto ambiental (Huang et al., 2021).

Objetivos e métodos

- Pretendeu-se avaliar o efeito do contexto ambiental (sapais naturais *versus* zonas de cultivo intensivo) na relação entre o metaboloma e o microbioma da endosfera de *Salicornia ramosissima*.
- A composição elementar dos tecidos da planta foi obtida por ICP-MS. Os metabolitos foram analisados por GC-MS após extração com n-hexano. As comunidades bacterianas foram caracterizadas por sequenciação avançada do gene 16S rRNA (Illumina Miseq).

Estrutura, composição e análise funcional das comunidades bacterianas da endosfera

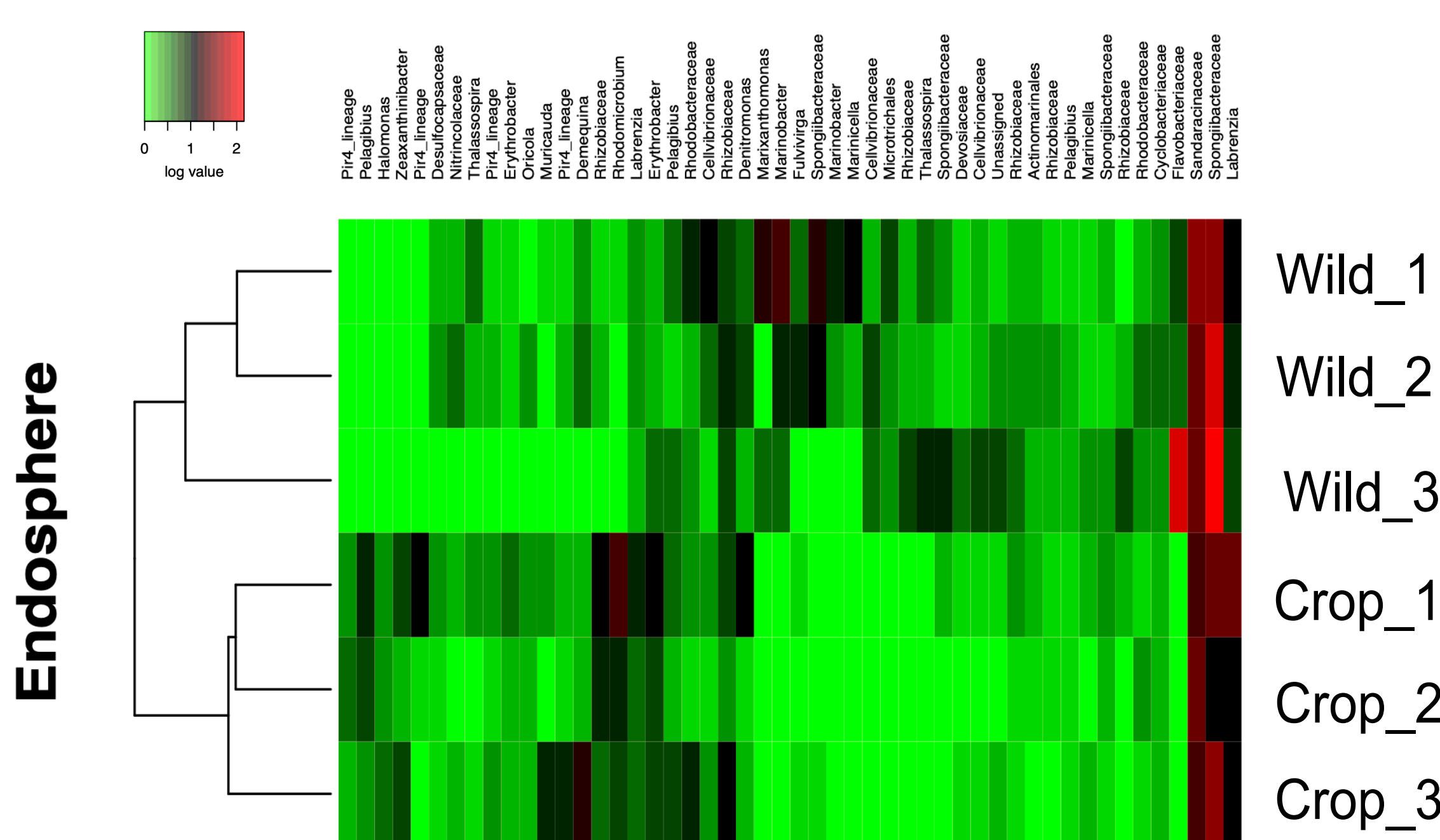


Figura 1. Composição das comunidades de bactérias endofíticas em *Salicornia ramosissima* da Ria de Aveiro.

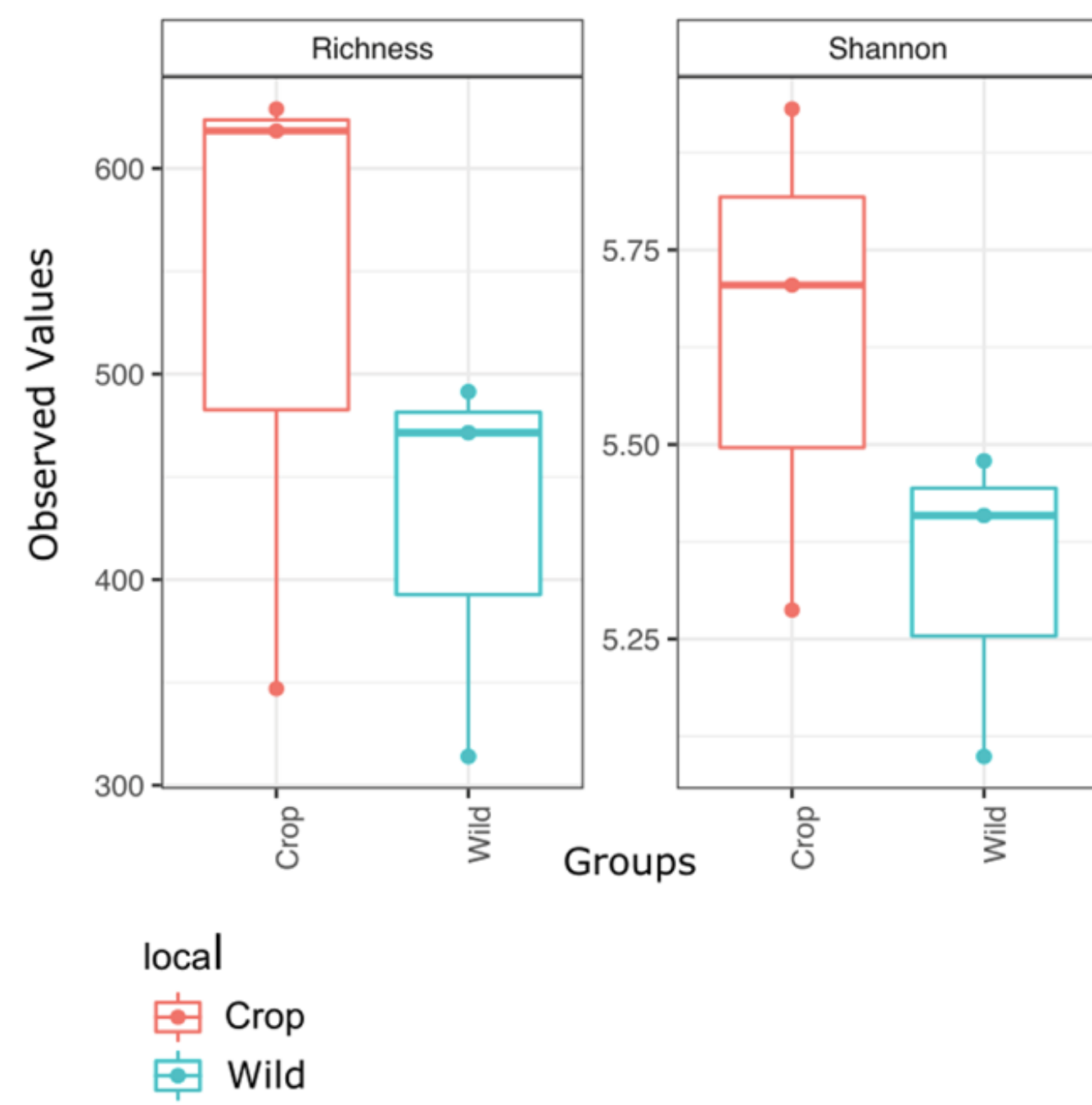


Figura 2. A riqueza e diversidade bacteriana na endosfera de *S. ramosissima*.

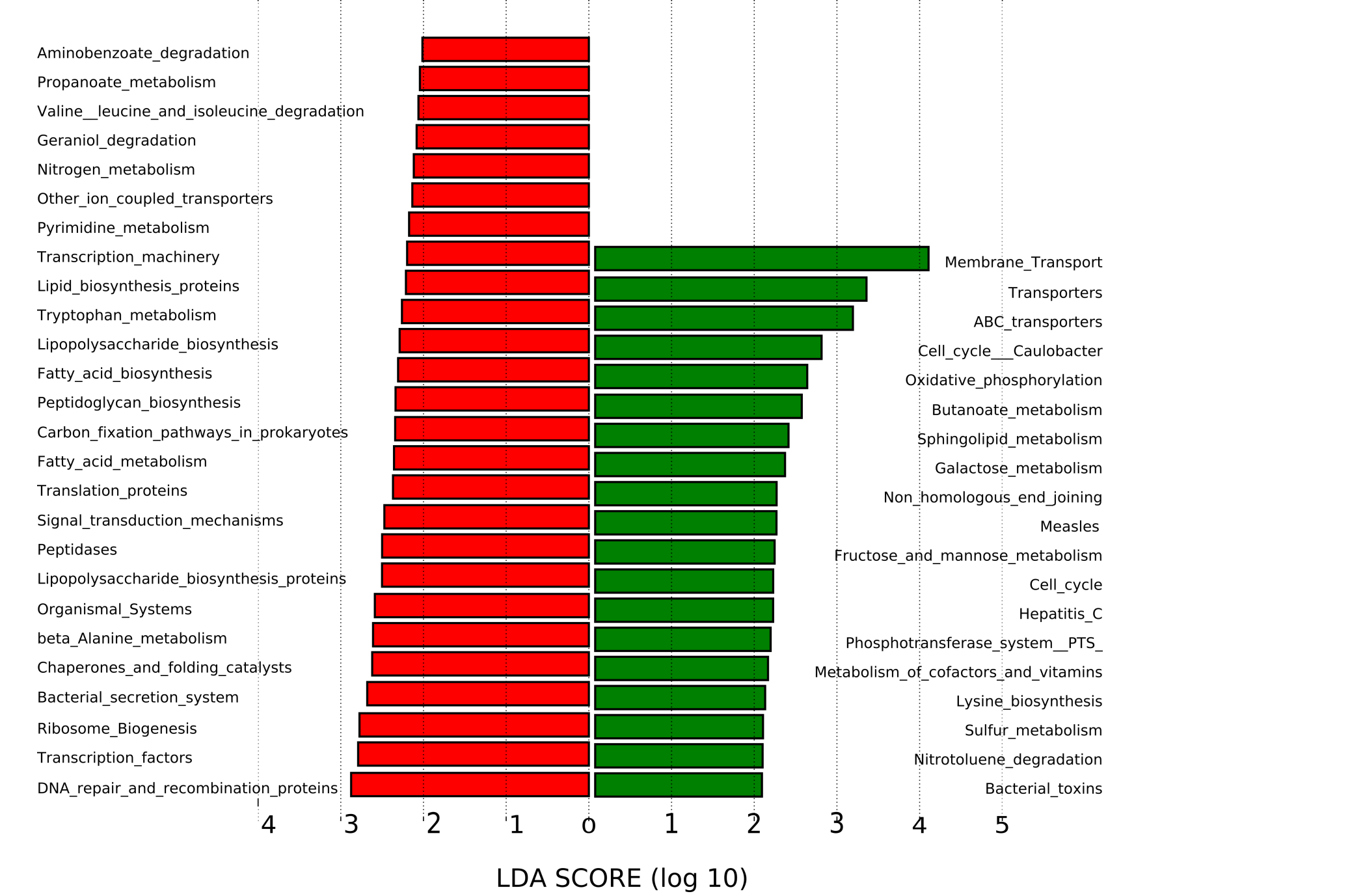


Figura 3. Vias metabólicas (KEGG) significativamente mais influentes na previsão *in silico* do metagenoma das comunidades bacterianas endofíticas em plantas selvagens (vermelho) e cultivadas (verde).

- Plantas selvagens (sapal do Boco) e plantas cultivadas (marinha da Pontinha) apresentaram comunidades bacterianas endofíticas estruturalmente distintas (Fig. 1), tendo sido detetados 28 géneros discriminantes.
- Maior riqueza e diversidade nas comunidades bacterianas endofíticas de plantas cultivadas (Fig. 2).
- Análise funcional (Picrust) revela enriquecimento de vias relacionadas com patogenicidade (e.g. toxinas bacterianas), no metagenoma bacteriano da endosfera das plantas cultivadas, e de vias relacionadas com o metabolismo do nitrogénio e com o estabelecimento de possíveis simbioses (e.g. sistemas bacterianos de excreção), no metagenoma da endosfera das plantas selvagens (Fig. 3).

Relação entre composição da comunidade bacteriana endofítica e perfil fitoquímico

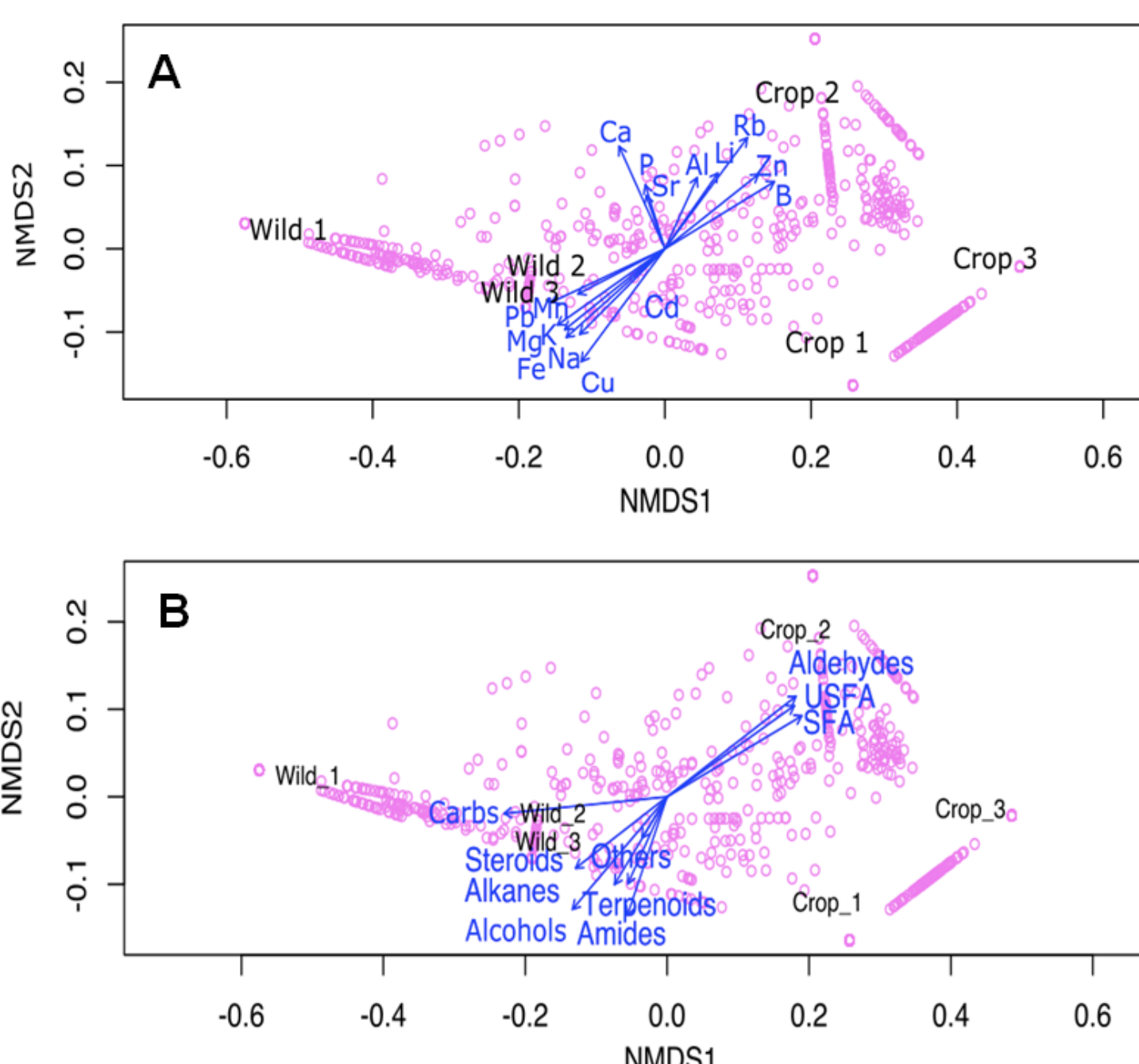


Figura 4. NMDS da composição elementar (A) ou perfil de metabolitos (B) das plantas e das comunidades bacterianas endofíticas.

- Plantas selvagens enriquecidas em Na, K, Mg e açúcares e plantas cultivadas enriquecidas em ácidos gordos insaturados (Fig. 4).
- Correlações positivas entre *taxa* e elementos/metabolitos (Fig. 5): *Aestuariicella* - ácidos gordos saturados; *Hanstruepera* - terpenoides; *Marinoscillium* - Ca e Mg; *Bradymonadaceae* - Fe.

Conclusão

- Os resultados suportam a engenharia do microbioma como estratégia de modulação dirigida do metaboloma da planta.

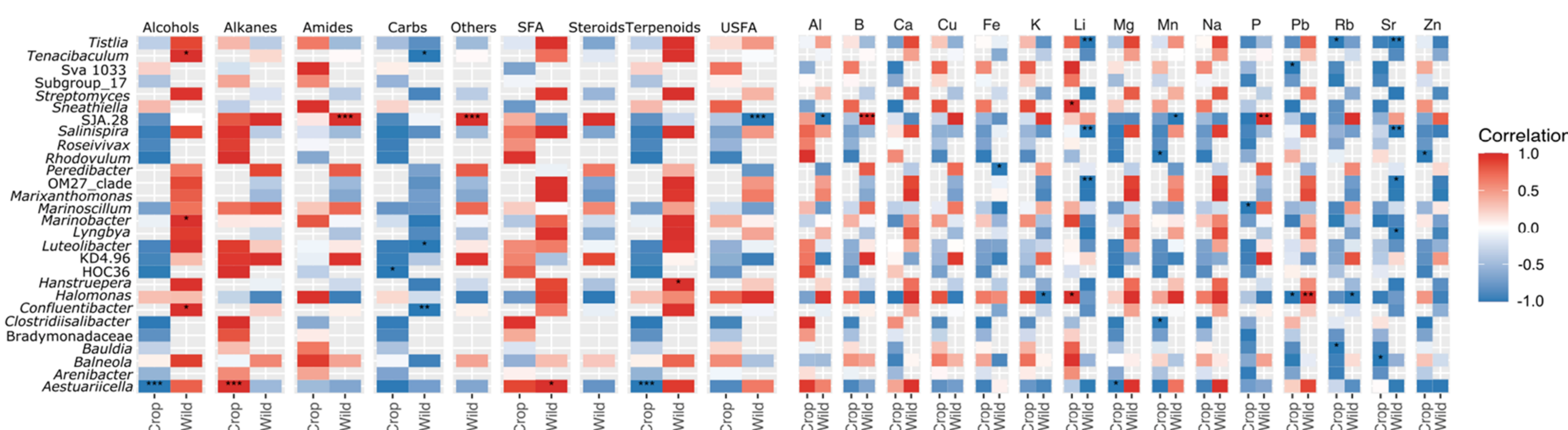


Figura 5. Correlação de Pearson entre géneros de bactérias estatisticamente diferentes encontrados nas comunidades endofíticas de plantas de *S. ramosissima* selvagens (wild) e cultivadas (crop) e os diferentes metabolitos (A) e elementos (B) presentes nas plantas. * p<0.05

Referências:

Huang, W., Sun, D., Chen, L., and An, Y. (2021). *Sci Rep* 11: 1–11.