



# Simpósio de Integração Acadêmica

“Bicentenário da Independência: 200 anos de ciência, tecnologia e inovação no Brasil e 96 anos de contribuição da UFV”

SIA UFV 2022

**UFV**  
Universidade Federal  
de Viçosa

## Análise de perfis de metabólitos em raízes de soja infectadas com fungo de controle biológico *Pochonia chlamydosporia* e seu efeito sobre a tolerância à seca.

Pinto, I.P.A.; Ramos, H.J.O.; Oliveira, M.G.A.; Juliano Mendonça Rodrigues

Email: [ian.pinto@ufv.br](mailto:ian.pinto@ufv.br), [humramos@ufv.br](mailto:humramos@ufv.br), [malmeyda@ufv.br](mailto:malmeyda@ufv.br), [julino.rodrigues@ufv.br](mailto:julino.rodrigues@ufv.br)

<sup>1</sup>Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa (UFV), BIOAGRO-UFV, MG, Brasil.

Área temática: Bioquímica. Grande Área: Ciências Agrárias. Categoria: Pesquisa.

**Palavras-Chave:** Metabolômica, *Pochonia chlamydosporia*, soja

### Introdução

A soja é um dos grãos mais importantes da economia do Brasil, maior produtor mundial. Contudo, flutuações nos períodos chuvosos provocadas pelas mudanças climáticas vem reduzindo a produtividade das lavouras em decorrência da seca, tornando necessário a utilização de algumas técnicas como a associação das raízes da planta com o fungo de controle biológico *Pochonia chlamydosporia*, microrganismo caracterizado pela simbiose promotora do crescimento de plantas e sua ação nematicida. Dessa forma, tendo um grande potencial como uma técnica biológica que minimize os efeitos da seca sobre as lavouras de soja.

### Objetivos

Avaliar os perfis metabólicos em raízes de soja dos genótipos EMBRAPA 48 (Resistente) e BR16 (Suscetível) infectadas pelo fungo de controle biológico *Pochonia chlamydosporia* associando com a resposta à seca.

### Material e Métodos

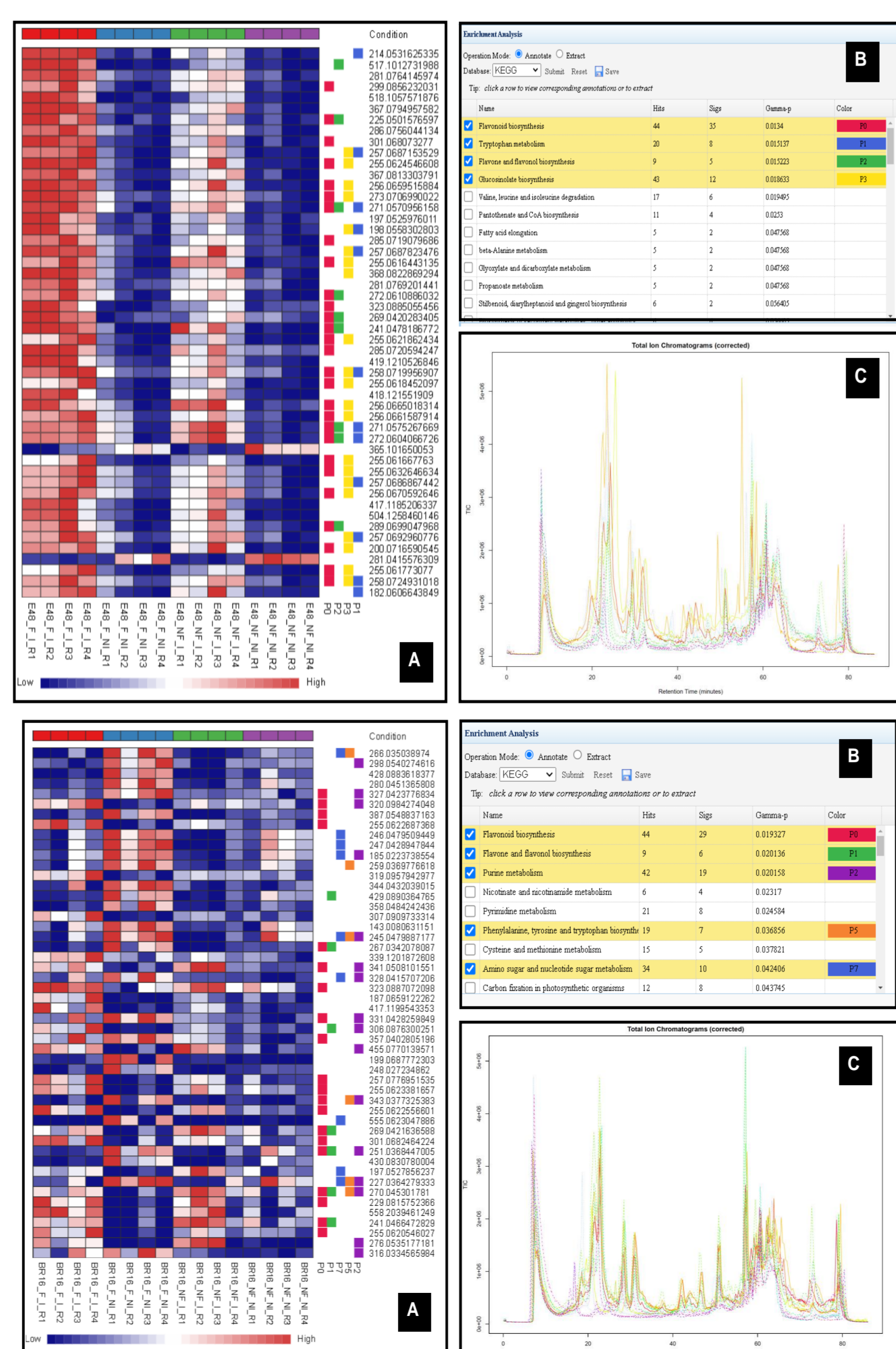
Sementes de soja dos genótipos EMBRAPA 48 Tolerante e BR16 Suscetível foram cultivadas na presença do fungo por meio da inoculação de 1 g de Rizotec.

Quando as plantas atingiram o potencial hídrico de 1,0 Mpa, o material radicular fresco foi coletado e macerado em nitrogênio líquido.

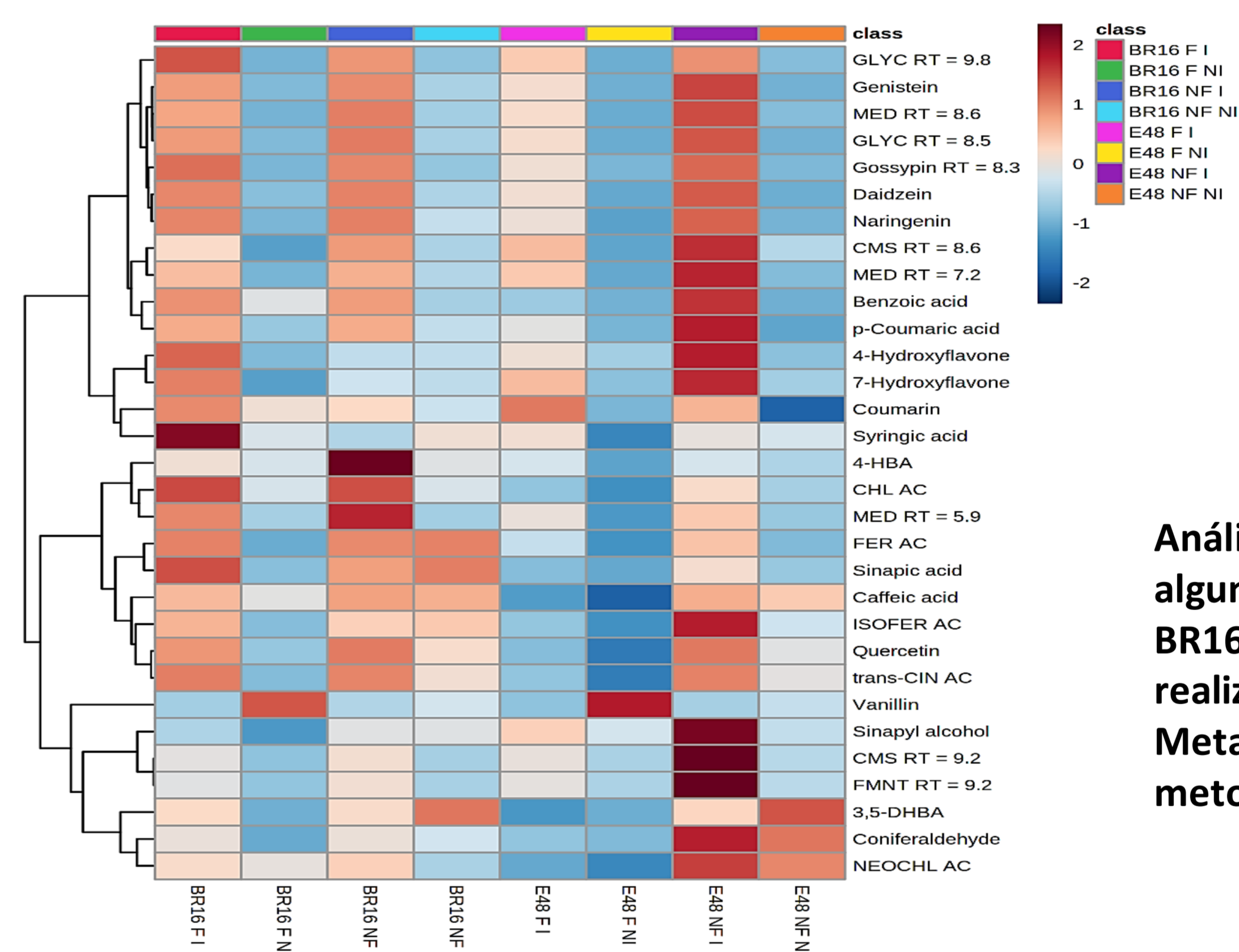
Esses extratos foram submetidos análises por LC/MS alvo e não-alvo e os perfis gerados foram alinhados pela plataforma XCMS.

Identificação de quais metabólitos foram responsivos pela interação do fungo com a planta hospedeira e sua relação com a tolerância à seca.

Em seguida, os espectros dos metabólitos, desregulados em resposta a seca e a colonização fúngica, forma utilizados para identificação usando a biblioteca NIST.



### Resultados e Discussão



Análise por mapa de calor para alguns metabólitos dos genótipos BR16 e EMBRAPA 48 realizado pela plataforma Metaboanalyst após a aplicação da metodologia de LC/MS

### Conclusões

- A resposta metabólica das plantas na presença do fungo foi distinta para os genótipos avaliados, mas aumentou a tolerância à seca em ambos os genótipos, mantendo o turgor foliar.

- Alterações nas vias de compostos fenólicos correlacionaram com mudanças do calibre dos vasos do xilema e da condutividade hidráulica em plantas na presença do fungo.

- Algumas vias e compostos foram significativamente alterados em resposta à seca e à interação fúngica, como metabólitos pertencentes às vias de biossíntese de flavonoide, flavona e flavonol. Esses compostos podem também estar envolvidos com diversas funções do metabolismo especializado, como proteção contra danos do estresse oxidativo e manutenção da homeostase.

### Bibliografia

Alvim, F.C. Carolino, S.M.B. Cascardo, J.C.M. Nunes, C.C. Martinez, C.A. Otoni, W.C. Fontes, E.P.B. 2001. Enhanced accumulation of BiP in transgenic plants confers tolerance to water stress. *Plant Physiol.* 126, 1042–1054. <https://doi.org/10.1104/pp.126.3.1042>.

### Agradecimentos e apoio financeiro

