



Simposio de Integração Acadêmica

"A Transversalidade da Ciência, Tecnologia e Inovações para o Planeta"
SIA UFV Virtual 2021



IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE TRANSPOSONS EM GENOMAS DAS 10 BACTÉRIAS FITOPATOGÊNICAS DE MAIOR IMPACTO ECONÔMICO E CIENTÍFICO

Departamento de Microbiologia/BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil

Kiara França Campos¹(kiara.campos@ufv.br), Mateus Ferreira Santana¹(mateus.santana@ufv.br), Alexia Suellen Fernandes¹ (alexia.s.fernandes@ufv.br)

Palavras-chave: Elementos genéticos móveis, adaptação, virulência.

Grande área: Ciências Agrárias

Área temática: Microbiologia

Categoria: Pesquisa

Os elementos transponíveis são uma das principais classes de elementos genéticos móveis (EGMs) capazes de deslocarem de um lugar ao outro no genoma. Esses elementos tem impactado o genoma hospedeiro por serem fontes de mutação e recombinação ectópica, bem como, modificarem a expressão gênica. Dentre os principais EGMs encontrados em bactérias, as sequências de inserção (SIs) e os transposons (Tn) são considerados os mais abundantes. Os Tns são conhecidos ainda pela capacidade de carregarem genes acessórios de valor adaptativo como sequências que codificam para proteínas relacionadas à virulência e resistência à antibióticos e metais pesados. Apesar dessa importância, os Tns são pouco estudados à nível de genômica populacional, como por exemplo, em bactérias fitopatogênicas.

Objetivos

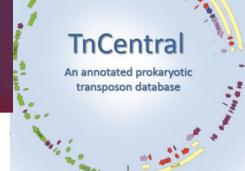
O trabalho objetivou caracterizar e analisar *in silico* os transposons presentes nos genomas completos de espécies de bactérias fitopatogênicas de maior importantes econômica, além de investigar quais implicações evolutivas dos mesmos nesses fitopatogênicos.

Material e Métodos

300 GENOMAS COMPLETOS



Identificação



Caracterização e anotação

M E G A Molecular Evolutionary Genetics Analysis

Análise filogenética

ResFinder. 4.0
Virulence Factors Database
Type III Secretion System Database
Pathogen-Host Interactions Database
The Comprehensive Antibiotic Resistance Database

Análise dos genes cargos

Resultados e Discussão

Foram identificados 77 transposons em cinco espécies diferentes, sendo elas *Ralstonia solanacearum* (6), *Pseudomonas syringae* (24), *Xanthomonas campestris* (18), *Xanthomonas oryzae* (24) e *Xanthomonas axonopodis* (2). O tamanho dos Tns variou entre 5.863 bp a 18.771 bp. Mediante as análises dos genes cargos, foi encontrado genes de virulência relacionados ao sistema de secreção do tipo 3 (SS3) dentro dos elementos TN7262 e TN7288 identificados nos genomas CFBP3846 1 (*Pseudomonas syringae*) e CN03 1. (*Xanthomonas oryzae*). Sabe-se que o SS3 atua na interface planta-patógeno, transferindo fatores de virulência diretamente para o citosol ou para a face citoplasmática da membrana celular da célula hospedeira.

Apoio Financeiro

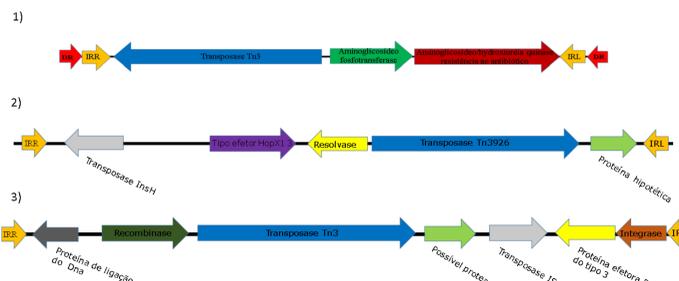


Figura 1- Representação dos transposons TN7263 (1), TN7262 (2) e TN7288 (3).

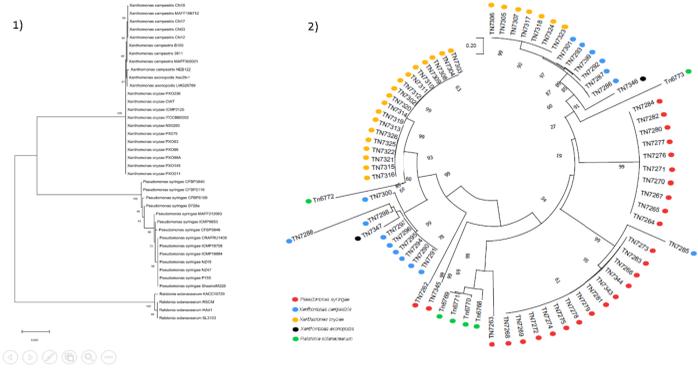


Figura 2- Árvore filogenética usando a região 16s (1) e usando os transposons (2)

Além disso, foi identificado um gene de resistência a estreptomicina presente no elemento TN7263 no genoma B728a (*Pseudomonas syringae*) (Figura 1).

A estreptomicina é um antibiótico capaz de inibir a síntese protéica do patógeno. Portanto, a presença de um gene de resistência a esse antibiótico sendo carregado pelo transposon pode indicar um fator seletivo que favorece o patógeno.

A análise filogenética dos Tns demonstrou um padrão de agrupamento semelhante aos encontrados na árvore da filogenética construída usando o gene que codifica para região 16S rRNA o que corrobora para uma aquisição espécie específica desses elementos. Porém, também foram identificados grupos divergentes, indicando uma possível transferência horizontal de genes entre bactérias de espécies distintas (Figura 2).

Conclusões

Conclui-se nesse trabalho que apesar dos transposons não serem ubíquos nos genomas de todas as espécies fitopatogênicas, sua presença, principalmente carregando genes de virulência, pode favorecer a adaptação do patógeno.

Bibliografia

- HAN, Hyo-Shim et al. Molecular bases of high-level streptomycin resistance in *Pseudomonas marginalis* and *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae*. *Journal of Microbiology*, v. 41, n. 1, p. 16-21, 2003.
- SUNDIN, George W.; WANG, Nian. Antibiotic resistance in plant-pathogenic bacteria. *Annual Review of phytopathology*, v. 56, p. 161-180, 2018.
- FESCHOTTE, C. Transposable elements and the evolution of regulatory networks. *Nature Reviews Genetics*, v. 9, n.5, p 397- 405, 2008.

Agradecimentos