



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



Identificação e caracterização *in silico* de plasmídeos em espécie do complexo *Ralstonia solanacearum*

LIMA, Luiza M. O¹; SANTANA, Mateus Ferreira; GONÇALVES, Osiel S.

¹ - Bolsista do edital PIBIC/UFV 2021-2022 / II - PIBIC/FAPEMIG

Laboratório "Genética Molecular de Microrganismos" - Grupo de Genômica Evolutiva de Microrganismos
DMB - Universidade Federal de Viçosa

Palavras-chave: Mobiloma, fitopatígeno, bioinformática

Introdução

A bactéria *Ralstonia solanacearum* é um dos fitopatógenos mais devastadores em culturas de importância econômica. É uma bactéria aeróbica, Gram-negativa, não esporulante, habitante do solo, a qual invade as raízes das plantas, se hospeda no xilema, bloqueando o fluxo de migração de água para folhas o que provoca a murcha na planta e consequentemente a morte. Os elementos genéticos móveis podem ser determinantes para a bactéria se adaptar a novos nichos ecológicos e colonizar novos hospedeiros e a investigação destes nos possibilita compreender a diversificação genômica que permite ao fitopatógeno driblar os mecanismos de defesa da planta hospedeira(1).

Objetivos

O objetivo deste trabalho foi analisar e caracterizar os plasmídeos presentes nos genomas de diferentes linhagens de *R. solanacearum*.

Material e Métodos

103 genomas de diferentes linhagens pertencentes ao complexo de espécies de *R. solanacearum* depositados no NCBI (National Center for Biotechnology Information) foram analisados. A detecção de plasmídeos foi realizada utilizando o banco de dados NCBI. A anotação funcional dos genes presentes nos plasmídeos foi realizada através dos softwares Phi-Base, Egglog e Geneious.

Resultados e Discussão

Foram encontrados 8 plasmídeos, predominantemente na espécie *R. solanacearum*, variando em tamanho entre 35,008 bp a 143,755 bp. Esses plasmídeos carregam genes relacionados à patogenicidade da planta, incluindo proteínas efetoras e proteínas de avirulência. Além disso, os plasmídeos possuem potencial de transmissão, visto que apresentam conteúdos relacionados ao sistema de secreção do tipo IV.

Espécie	Plasmídeo	GenBank	RefSeq	Tamanho
<i>R. solanacearum</i>	p1	CP065533.1	NZ_CP065533.1	101,78 pb
<i>R. solanacearum</i>	pHA4-1	CP022483.1	NZ_CP022483.1	143,755 pb
<i>R. solanacearum</i>	p71.9	AP024163.1	NZ_AP024163.1	71,852 pb
<i>R. solanacearum</i>	pRSC35	FP885893.1	NC_017558.1	35,008 pb
<i>R. solanacearum</i>	pRsT78	CP022767.1	NZ_CP022767.1	128,742 pb
<i>R. solanacearum</i>	pUW163a	CP012941.1	NZ_CP012941.1	116,523 pb
<i>R. solanacearum</i>	pUW163b	CP012942.1	NZ_CP012942.1	37,782 pb
<i>R. solanacearum</i>	unnamed	CP076121.1	NZ_CP076121.1	118,798 pb

Tabela 1 – Plasmídeos de *R. solanacearum*

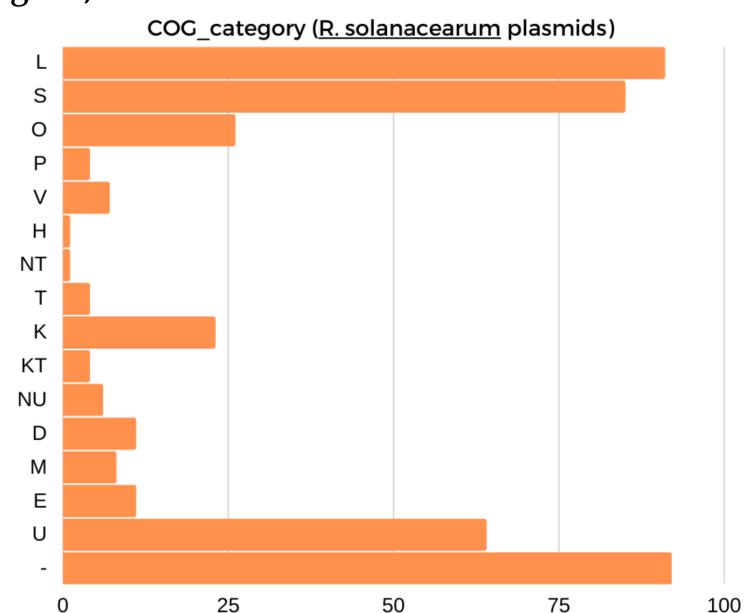


Gráfico 1 - COG (Clusters of Orthologous Genes) category. Os plasmídeos de *R. solanacearum* estão inseridos nas categorias L (replicação), S (função desconhecida), O (modificação pós-traducional, renovação de proteínas, chaperonas), P (transporte inorgânico e metabolismo), V (mecanismos de defesa), H (transporte de coenzimas e metabolismo), N (motilidade celular), T (mecanismos de transdução de sinal), K (transcrição), D (controle do ciclo celular, divisão celular, segregação cromossômica), M (parede celular/membrana/envelope biogênese), E (transporte de aminoácidos e metabolismo) e U (tráfego intracelular, secreção e transporte vesicular).

Conclusões

Foi possível concluir que, aparentemente, os plasmídeos não são os elementos genéticos mais abundantes presentes nos genomas de *R. solanacearum*, mas, ainda assim, possuem potencial para impactar a interação planta-patógeno, visto que carregam genes relacionados a virulência.

Bibliografia

1. GONCALVES, O. S. et al.. Transposable elements contribute to the genome plasticity of *Ralstonia solanacearum* species complex. Microbial Genomics p. 1-12, 2020

Agradecimentos

