

Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



Isolamento de mixobactérias em área de plantio de bananeira e análise da comunidade bacteriana predatória por métodos independentes de cultivo

Mariana Dias de Melo, Denise Mara Soares Bazzolli, Pedro Henrique da Silva Medrado, Patricia Pereira Fontes, Rafael Ferreira Silva, Maria Eduarda Leandro Assis

Palavras-chave: mixobactérias, predação, biotecnologia

Introdução

Mixobactérias são bactérias Gram negativas com expressivo potencial biotecnológico devido a sua capacidade predatória e produção de metabólitos secundários (Hermann *et al.*, 2017). No entanto, ainda são pouco exploradas em comparação a outros grupos bacterianos, mesmo apresentando características únicas como: motilidade social e formação de corpos de frutificação (Reichenbach *et al.* 1992). Tendo em vista que estas bactérias possuem muitas características distintas das outras bactérias, os métodos de isolamentos convencionais nem sempre são eficientes.

Objetivos

O objetivo deste trabalho foi verificar a eficiência do método de diluição seriada e *spread-plate* no isolamento de mixobactérias e analisar dados de metagenômica provenientes das mesmas amostras usada para análises dependentes de cultivo.

Material e Método



Figura 1. As amostras da área de floresta nativa, composto orgânico (CO) e plantio foram diluídas por diluição seriada e plaqueadas pela técnica de *spread-plate*. As colônias sugestivas de serem mixobactérias foram repicadas a partir de agregados celulares que se assemelhavam a corpos de frutificação. Posteriormente, o DNA foi extraído e a presença do marcador genético *mglA* foi avaliada pela técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR).

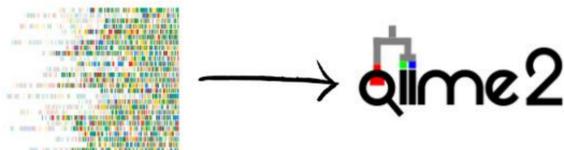


Figura 2. Dados metagenômicos das amostras da área de plantio, área nativa e CO obtidos em trabalhos anteriores do grupo de pesquisa foram analisados utilizando o *software* QIIME2 e a taxonomia atribuída pelo SILVA 138.

Resultados e Discussão

No total, foram obtidos 20 isolados, dos quais, 9 foram isolados do CO, 7 da área de plantio de banana e 4 da mata nativa. O gene *mglA* foi detectado em 8 isolados, sendo 5 provenientes do CO, 2 do fragmento de área nativa e 1 da área de plantio de banana (figura 3). Em relação aos dados de metagenômica, foi atribuída taxonomia para o filo Myxococcota em todas as amostras, exceto no CO (figura 4).

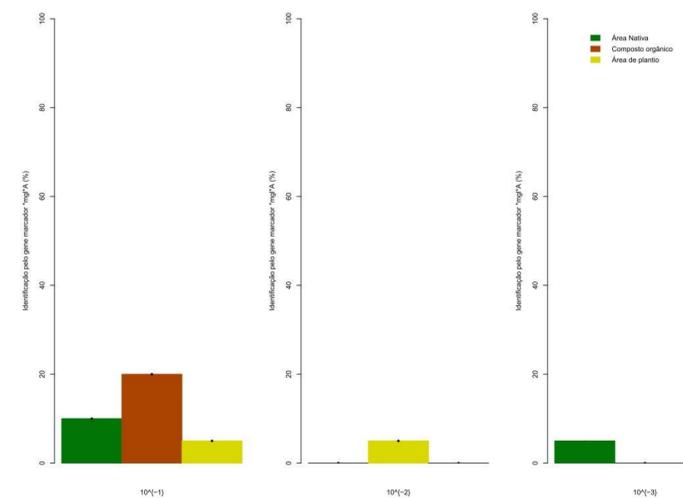


Figura 3. Identificação do gene marcador *mglA* obtidos em cada amostra e em cada diluição.

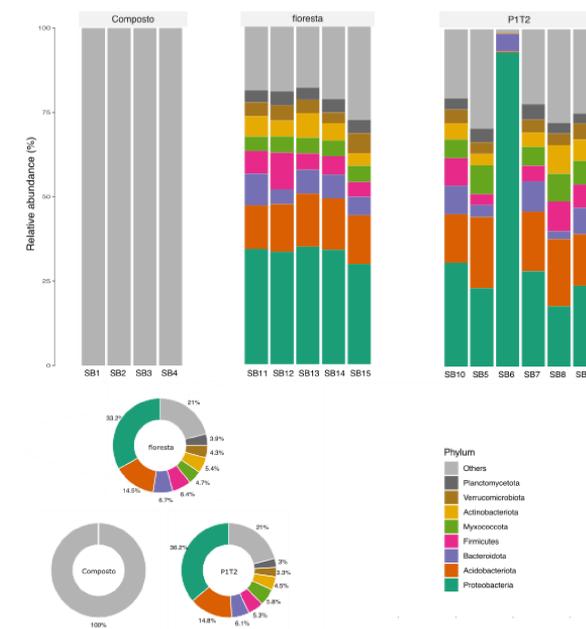


Figura 4. Atribuição de taxonomia para os Filos presentes nas amostras da área de plantio, área de floresta nativa e CO.

Conclusões

Embora o método de diluição seriada por *spread-plate* não seja considerado padrão para isolamento de mixobactérias, ainda assim foram caracterizadas 40% como sendo pertencentes a esse filo. Além disso, esse método apresentou eficiência de 56% para o CO, 50% para a área de floresta e 14% para a área de plantio.

Agradecimentos

