



# Simpósio de Integração Acadêmica

## “Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



### Identificação *in silico* de Elementos Integrativos e Conjugativos (ICEs) em espécies de bactérias fixadoras de nitrogênio - gênero *Rhizobium*

Lima, L. M. O.<sup>1</sup> (luizalimaufv@gmail.com); Santana, M. F.<sup>1</sup> (mateus.santana@ufv.br)

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Molecular de Microrganismos - Grupo de Genômica Eco-evolutiva Microbiana (GGEM); Departamento de Microbiologia (DMB); Universidade Federal de Viçosa. Elementos integrativos e conjugativos, Elementos genéticos móveis, Bioinformática

#### Introdução

Elementos integrativos e conjugativos (ICEs) são elementos genéticos móveis (EGMs) modulares integrados ao genoma de bactérias. Estes elementos são passivamente propagados durante a divisão celular ou ativamente propagados por conjugação, sendo importantes para a transferência horizontal de genes. Além de genes relacionados à conjugação, os ICEs podem carregar genes acessórios. As bactérias do gênero *Rhizobium* são um grupo de bactérias Gram-negativas que possuem uma relação simbiótica com plantas leguminosas e são capazes de fixar o nitrogênio promovendo o crescimento saudável das plantas às quais estão associadas. Visando analisar se a presença dos ICEs pode ser um potencializador de características de interesse agrônomo devido a presença de genes acessórios relacionados à promoção de crescimento em planta, uma busca de componentes desses EGMs foi realizada no genoma de espécies do gênero *Rhizobium*.

#### Objetivos

Analisar a presença de ICEs no genoma do gênero *Rhizobium*.

#### Material e Método

Foram realizadas análises *in silico* em 144 genomas completos baixados do NCBI (National Center for Biotechnology Information). As ferramentas de bioinformática utilizadas para as análises dos dados foram: ICEfinder, OriTfinder e antiSMASH, tendo como parâmetro as estratégias demonstradas na figura 1.

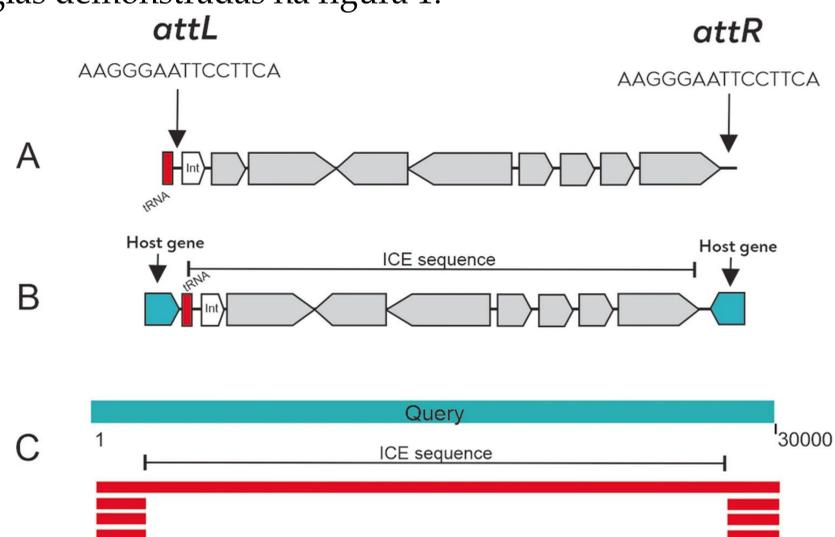


Figura 1. Estratégias utilizadas para delimitar os elementos integrativos e conjugativos. A. Identificar os locais de ligação (attL e attR). B. Identificar o gene central do hospedeiro nas margens do elemento. C. Alinhamento completo do ICE em genomas intimamente relacionados com a ausência de sequências de ICE. (GONÇALVES, O. S.. (2022). Exploring Genetic Mechanisms. Genomics Research, Página. URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10142-022-00903-2/figures/2>)

#### Resultados e Discussão

Foram identificados 137 supostos ICEs, cujo tamanho variou entre 9.599 a 597.884 bp. Nessas ICEs conseguimos identificar a presença de elementos fundamentais como região oriT, Sistema de secreção tipo IV (T4SS), enzimas relaxase e proteínas T4CP. Esses elementos foram encontrados dispostos em diferentes orientações nos genomas. Além disso, foram encontrados genes cargo, como a enzima Type III PKS (T3PKS) em diferentes regiões, sugerindo a transferência de genes relacionados à síntese de poliquetídeos. O sinalizador químico AHL foi também encontrado, indicando potenciais efeitos na regulação do comportamento adaptativo das bactérias. Outros metabólitos secundários, como o ectoíne, também foram encontrados, sugerindo relevância para a sobrevivência bacteriana em ambientes estressantes, como altas concentrações de sal. Esses resultados implicam a capacidade de bactérias transportadoras de ICEs para produzir compostos bioativos e se adaptar a diferentes nichos ecológicos.

#### Conclusões

Através das análises *in silico* realizadas foi possível concluir que ICEs são amplamente distribuídos no gênero *Rhizobium* e a presença desses EGMs pode impactar o fitness dos isolados.

#### Bibliografia

GONÇALVES, O.S.; ASSIS, J.C.S.; SANTANA, M.F. Breaking the ICE: an easy workflow for identifying and analyzing integrative and conjugative elements in bacterial genomes. Received: 13 July 2022 / Revised: 13 September 2022 / Accepted: 19 September 2022. ©

#### Agradecimentos

