



Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



Identificação *in silico* de Elementos Integrativos e Conjugativos (ICEs) em bactérias do gênero *Azotobacter*

Suelen Chaves Fernandes, Mateus Ferreira Santana, Luiza Maria Oliveira de Lima.

E-mail: suelen.fernandes@ufv.br, mateus.santana@ufv.br, luiza.m.lima@ufv.br. Departamento de Microbiologia, Universidade Federal de Viçosa. Grande área: Ciências Biológicas e da Saúde. Área temática: Microbiologia. Categoria do trabalho: pesquisa.

Palavras-chave: Bioinformática, Elementos genéticos móveis, Elementos Integrativos e conjugativos.

Introdução

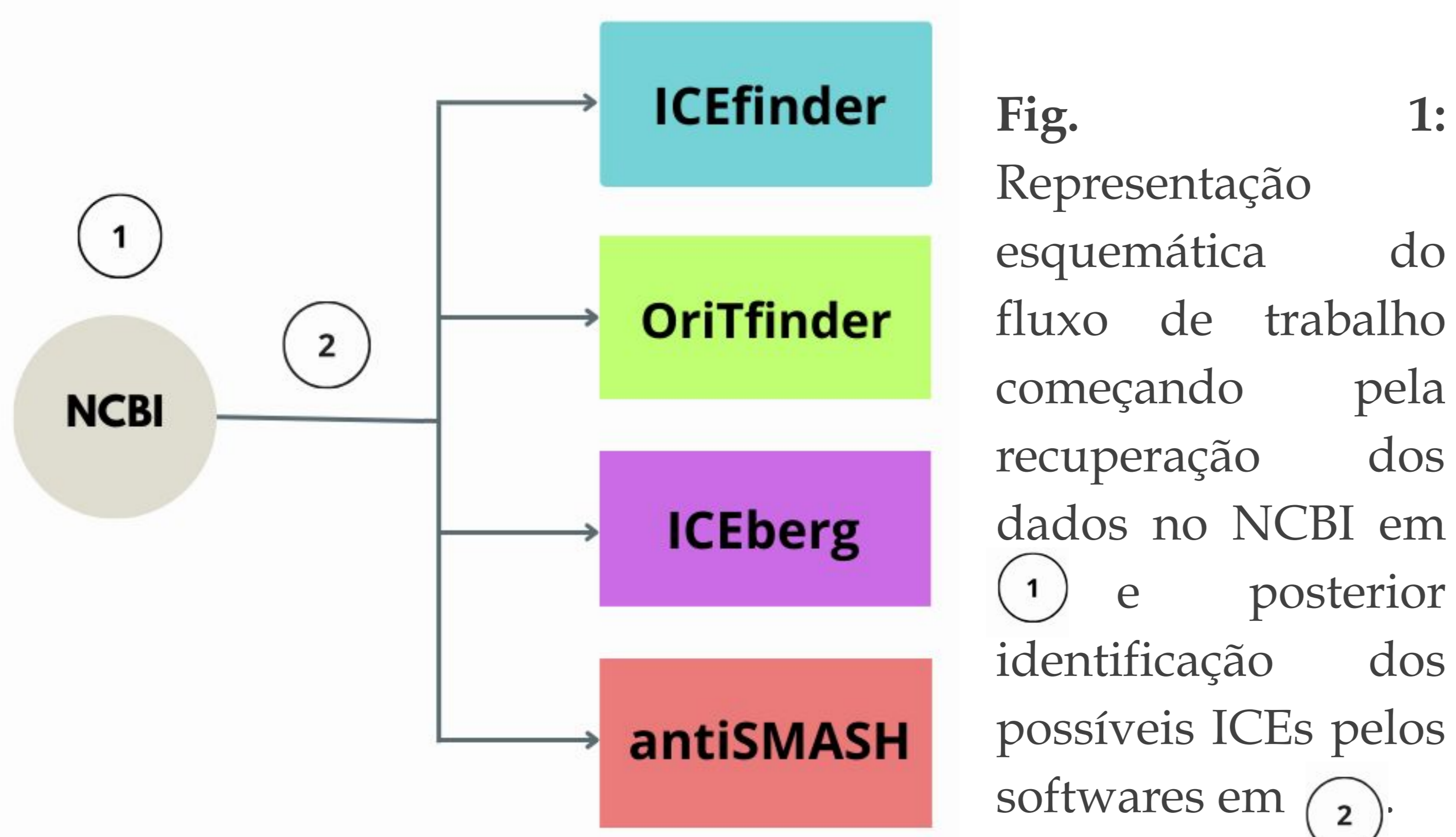
O gênero *Azotobacter* representa o principal grupo de bactérias heterotróficas de vida livre fixadoras de nitrogênio. Elas constituem um grupo muito estudado por apresentarem substâncias promotoras de crescimento em plantas. Os ICEs são elementos genéticos móveis auto-transmissíveis que podem carregar genes associados à expressão de genes com valor adaptativo para bactéria hospedeira.

Objetivos

O objetivo deste trabalho foi identificar e investigar uma possível relação entre ICEs e a capacidade de promover crescimento de plantas do gênero *Azotobacter*.

Material e Método

Foram analisados *in silico* 43 genomas dentre as espécies *Azotobacter vinelandii*, *Azotobacter chroococcum*, *Azotobacter salinestris* e *Azotobacter beijerinckii*.



Resultados e Discussão

Foram identificados 47 prováveis ICES dentre as regiões dos 43 genomas de *Azotobacter* analisados. A região oriT foi encontrada em apenas 3 isolados. Em 35 isolados foram encontradas relaxases. Todos os isolados apresentam T4CP, mas apenas 29 deles possuem Sistema de Secreção IV (T4SS), maquinaria responsável pela conjugação dos elementos. Apenas na espécie *A. vinelandii* foi detectada presença de ICE já identificada, o que abre a possibilidade da descoberta de elementos inéditos nas outras espécies do gênero. Como metabólitos secundários, foram encontrados Non-ribosomal peptide synthetases (NRPSs), que são compostos diversos, que permitem que as bactérias hospedeiras expandam suas capacidades metabólicas.

Conclusões

Apesar de não terem sido encontrados uma ampla gama de genes relacionados à promoção de crescimento em planta dentro dos ICEs, estes são amplamente distribuídos nos genomas de *Azotobacter* o que pode indicar um importante papel na adaptação das espécies desse gênero. Futuros estudos serão realizados *in vivo* para demonstrar o possível impacto de ICES em *Azotobacter*.

Bibliografia

GONÇALVES, Osiel Silva; DE ASSIS, Jessica Catarine Silva; SANTANA, Mateus Ferreira. Breaking the ICE: An easy workflow for identifying and analyzing integrative and conjugative elements in bacterial genomes. **Functional & Integrative Genomics**, v. 22, n. 6, p. 1139-1145, 2022.

MRKOVACKI, N.; MILIC, V. Use of *Azotobacter chroococcum* as potentially useful in agricultural application. **Annals of Microbiology**, v. 51, n. 2, p. 145-158, 2001.