

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE ELEMENTOS INTEGRATIVOS E CONJUGATIVOS (ICES) NOS GENOMAS DE BACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO DE PLANTA

XAVIER, G. A.*; SANTANA, M. F.; TUPY, S. M.; ALMEIDA, L. N.; MENDES, S. F.; JESUINO, B. F. R.

Departamento de microbiologia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil

ODS2 – FOME ZERO E AGRICULTURA

PESQUISA

Introdução

Bactérias Promotoras de Crescimento de Plantas (PGPB) favorecem o desenvolvimento vegetal por meio do aumento de biomassa, tolerância a estresses e proteção contra fitopatógenos. Além de gêneros clássicos como *Bacillus*, *Pseudomonas* e *Rhizobium*, novos grupos da rizosfera, como *Azoarcus*, *Pantoea* e *Stenotrophomonas*, apresentam elevado potencial agrícola e biotecnológico. A disseminação de genes de resistência e promoção de crescimento é impulsionada por Elementos Genéticos Móveis (MGEs), em especial os Elementos Integrativos e Conjugativos (ICES), que são elementos móveis cromossômicos autotransmissíveis, variando de 18 a mais de 600 kbp, transferíveis por conjugação e capazes de se propagarem passivamente durante a replicação cromossômica e divisão celular. Esses elementos desempenham papel crucial na adaptação bacteriana e podem carregar genes que fortalecem as interações planta-bactéria, sendo sua compreensão essencial para aplicações nas ciências agrárias.

Objetivos

Identificar e analisar os Elementos Integrativos e Conjugativos (ICES) presentes nos genomas de potenciais bactérias promotoras de crescimento de plantas pertencentes a bacterioteca do Laboratório de Genética Molecular e de Microrganismos, e investigar sua relação com os processos de simbiose entre as plantas e os microrganismos.

Metodologia

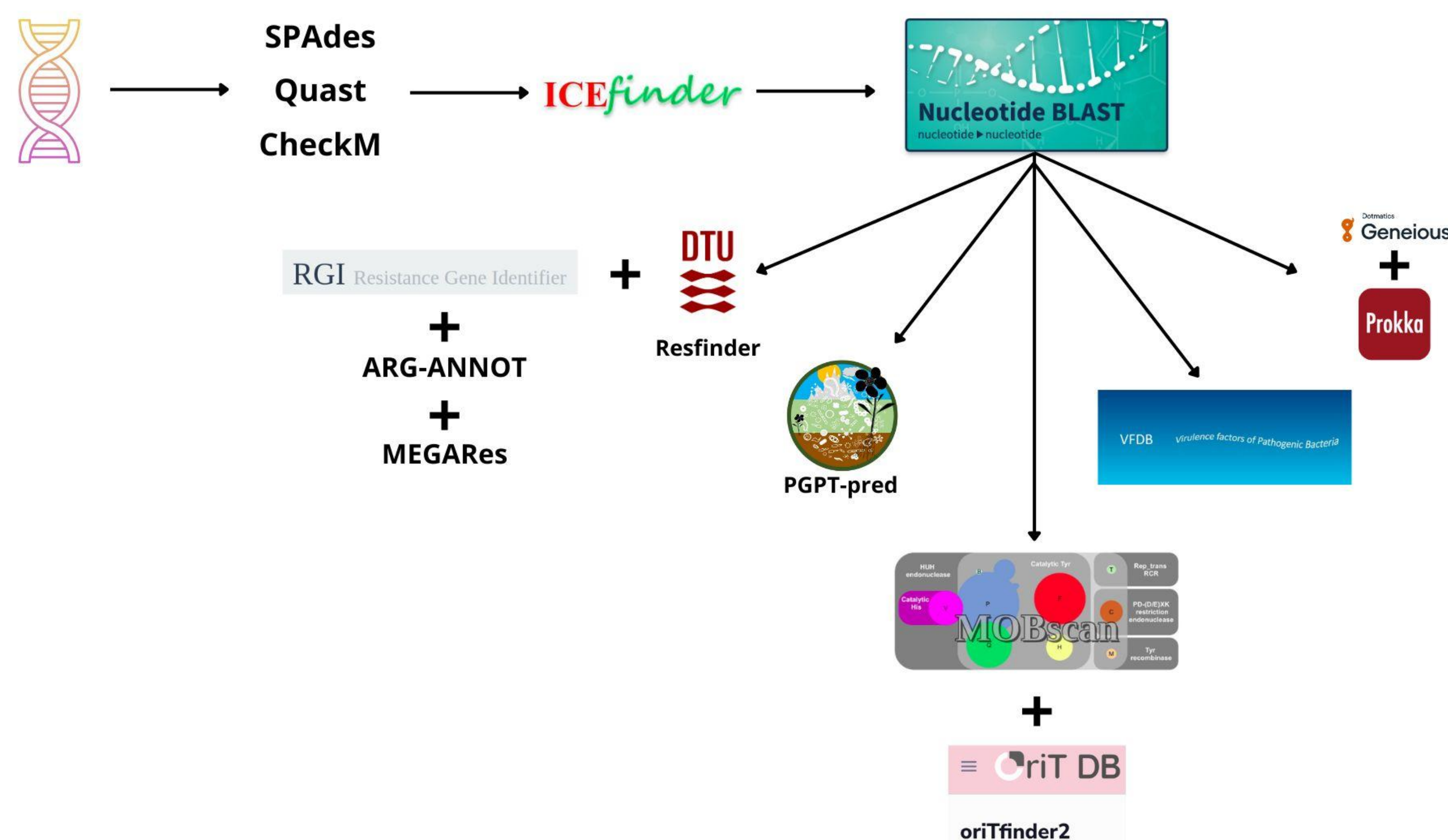


Figura 1 - Fluxograma dos processos de análises dos genomas para montagem, análise de qualidade e caracterização de ICES.

Apoio Financeiro



*Este trabalho foi realizado com apoio do CNPq por meio da bolsa PIBIC 2024/2025.

Resultados

Proporção de 54 genomas contendo ICES, IMEs e diferentes níveis de alinhamento pelo BlastN

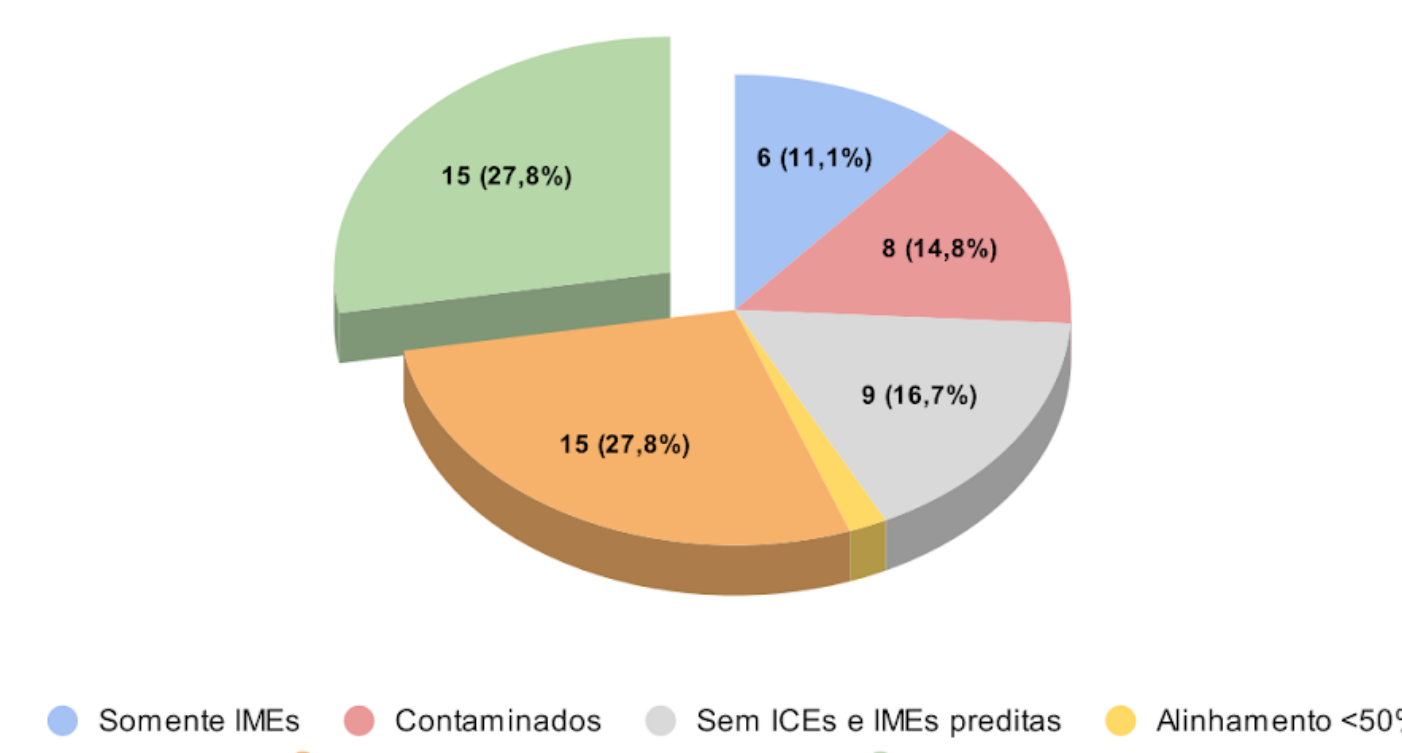


Figura 2 - Representação gráfica dos dados obtidos a partir da análise de qualidade da montagem, presença de IMEs e ICES e alinhamento de ICES contra seus genomas oriundos completos.

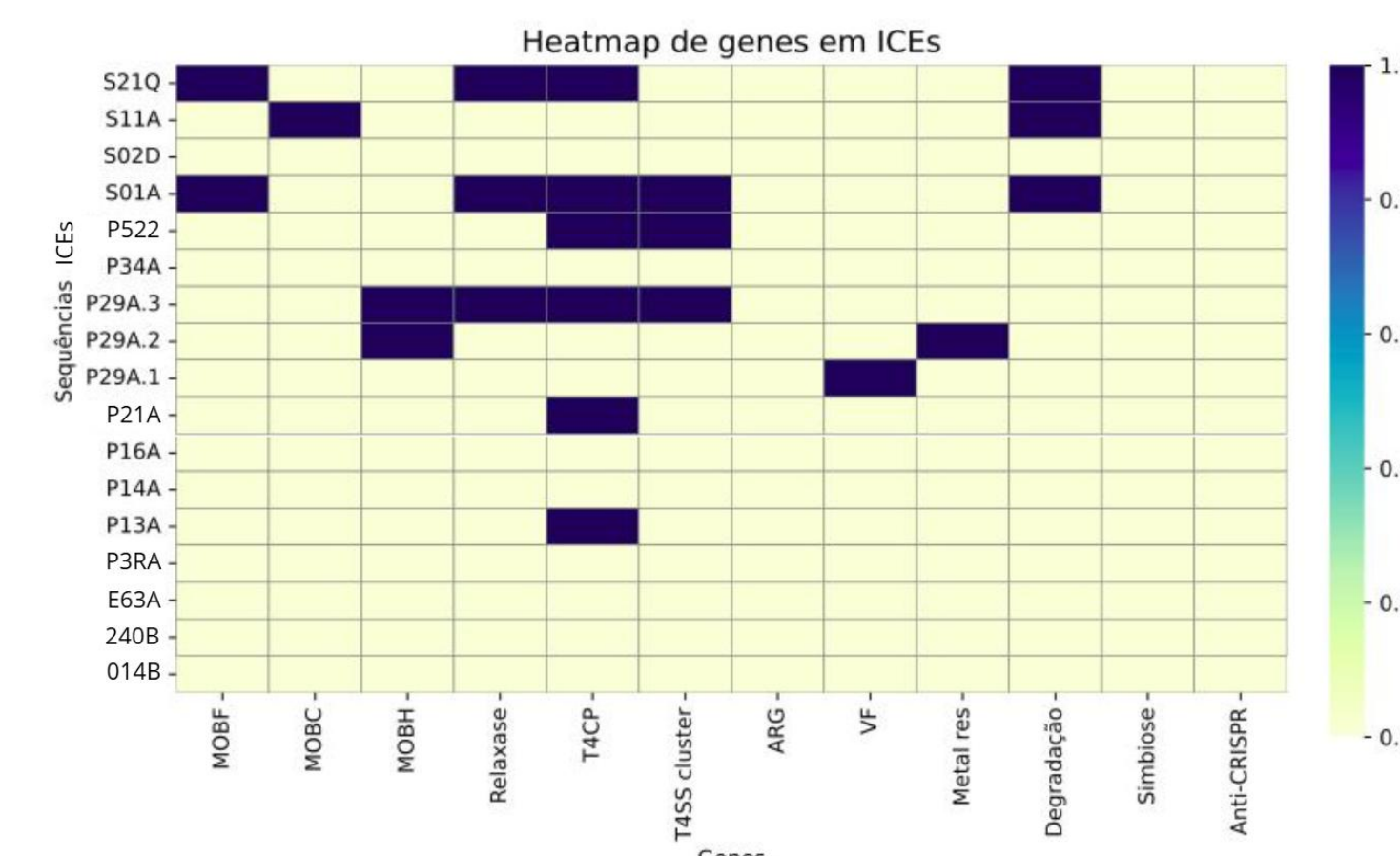


Figura 3 - Heatmap normalizado da presença de genes característicos de promoção de crescimento.

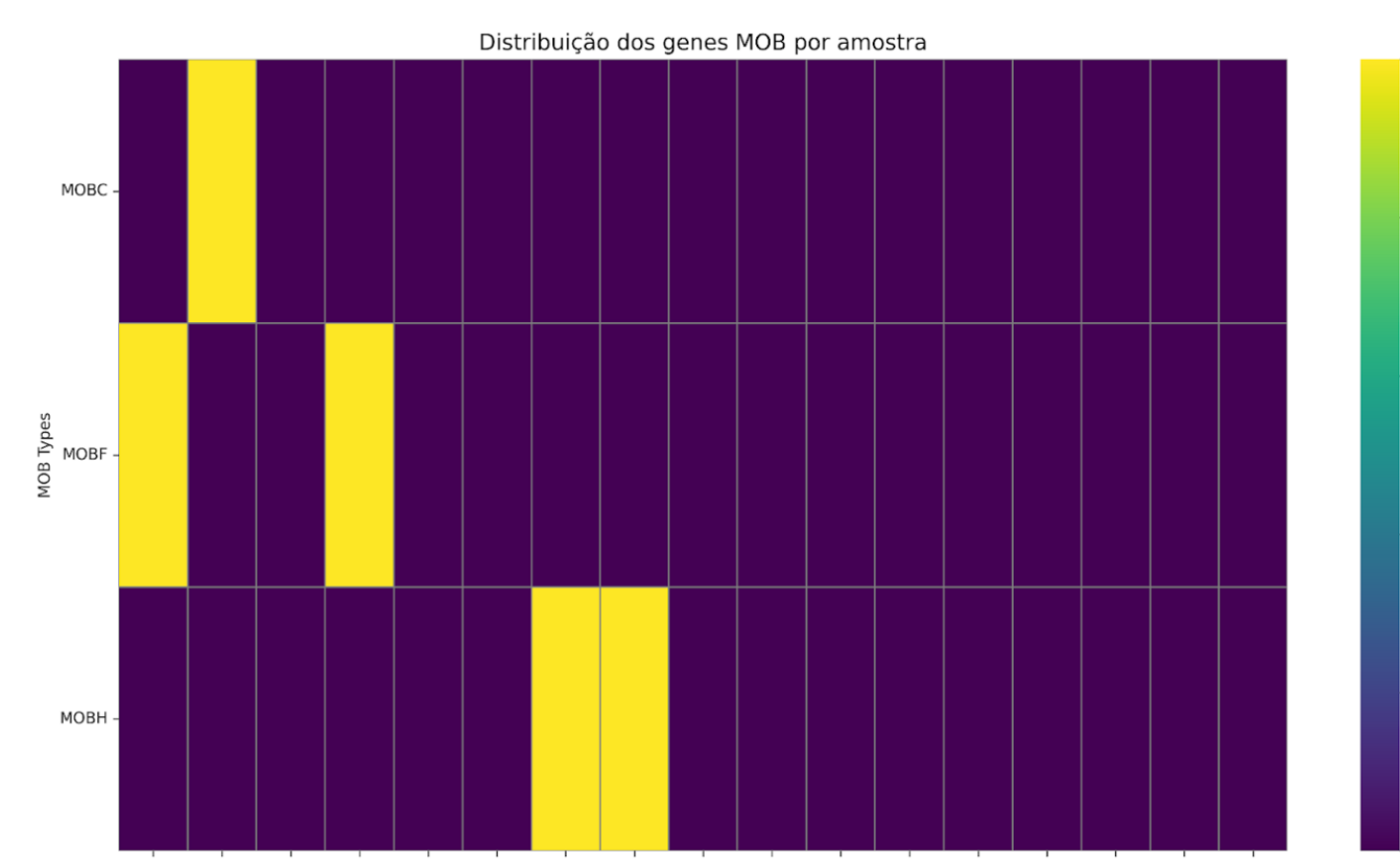


Figura 5 - Heatmap mostrando a distribuição de genes de mobilização detectados pelo MobScan.

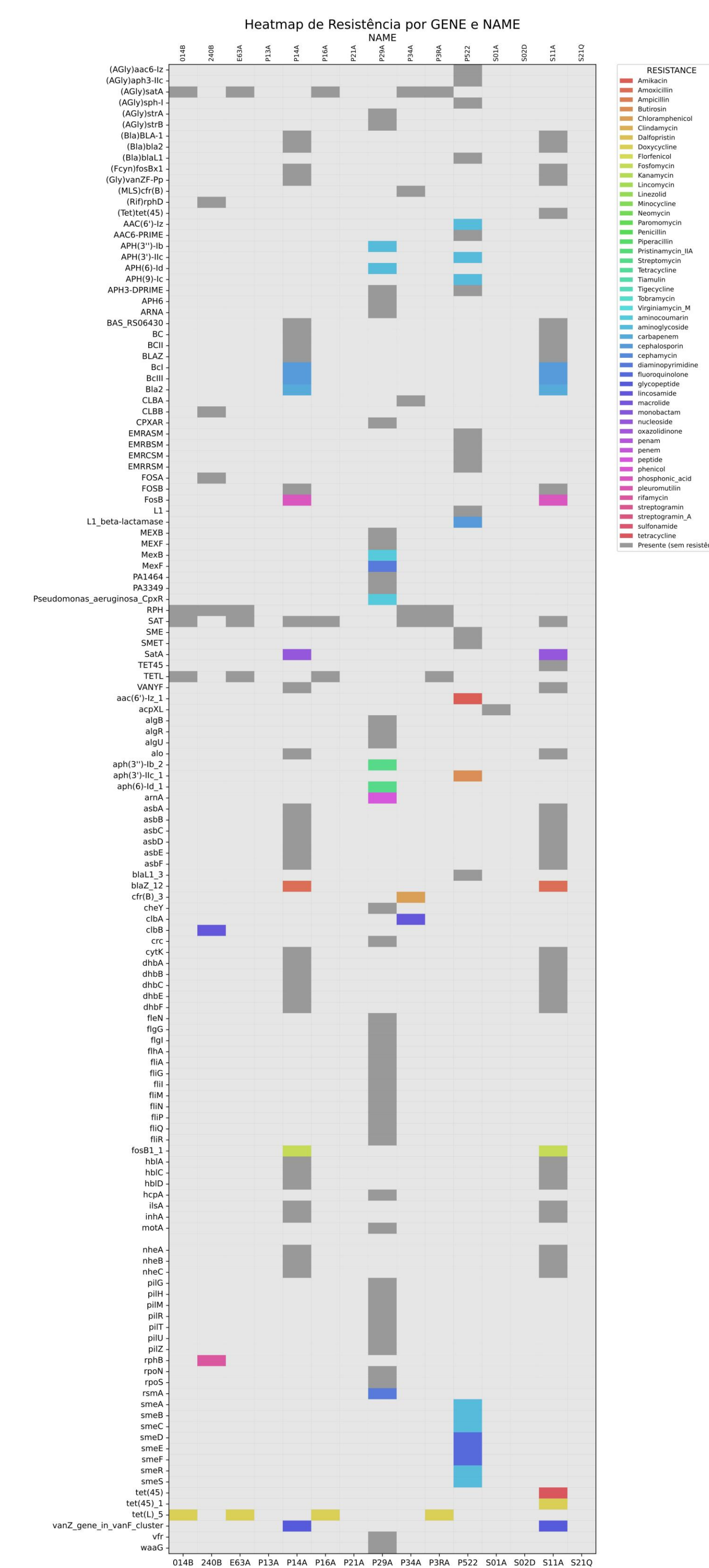


Figura 4 - Heatmap de presença de genes virulência e resistência nos genomas onde as ICES foram encontradas.

Conclusões

As amostras mais promissoras foram S21Q, S11A, S01A e as ICES 2 e 3 do isolado P29A, destacando genes de fixação de nitrogênio e ferro, solubilização de fosfato e tolerância a estresses. A presença de genes de resistência a antibióticos e virulência foi baixa: nenhum em S21Q, 10 em S11A, apenas um de virulência (acpXL) em S01A e 9 de resistência definida em P29A, além de alguns genes de resistência e virulência adicionais. Novas análises, incluindo dados de PacBio, serão realizadas para aplicações futuras in vivo.

Bibliografia

Alcock et al. 2023. CARD 2023: Expanded Curation, Support for Machine Learning, and Resistome Prediction at the Comprehensive Antibiotic Resistance Database. *Nucleic Acids Research*, 51, D690-D699.

Arkin AP, Cottingham RW, Henry CS, Harris NL, Stevens RL, Maslov S, et al. KBase: The United States Department of Energy Systems Biology Knowledgebase. *Nature Biotechnology*. 2018;36: 566. doi: 10.1038/nbt.4163

Chen, L., Yang, J., Yu, J., Yao, Z., Sun, L., Shen, Y., & Jin, Q. (2005). VFDB: a reference database for bacterial virulence factors. *Nucleic acids research*, 33(Database issue), D325-D328. <https://doi.org/10.1093/nar/gki008>

Garcillán-Barcia M.P., Redondo-Salvo S., Vielva L., de la Cruz F. (2020) "MOBscan: Automated Annotation of MOB Relaxases". In: de la Cruz F. (eds) *Horizontal Gene Transfer. Methods in Molecular Biology*, vol 2075. Humana, New York, NY