

Potencial genômico de *Stenotrophomonas maltophilia* na promoção de crescimento vegetal: uma alternativa para a agricultura sustentável

VIEIRA, Jorge Henrique Resende Vieira¹; SANTANA, Mateus Ferreira¹; DE ALMEIDA, Luciano Nascimento¹; JESUÍNO, Blenda de Freitas Rodrigues¹; TUPY, Sumaya Martins¹; DUARTE, Rodrigo da Silva¹.

¹Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Microbiologia

jorge.vieira@ufv.br

ODS2 - Fome zero e agricultura sustentável

Pesquisa

Introdução

Stenotrophomonas maltophilia Palleroni & Bradbury 1993 é uma bactéria Gram-negativa, aeróbica e ubíqua, encontrada em uma variedade de ambientes, sobretudo, associada a plantas. Apesar de ser conhecida por seu potencial oportunista em infecções nosocomiais, tem emergido como um microrganismo com aplicações promissoras na agricultura sustentável, principalmente na promoção de crescimento vegetal (PGP) e no biocontrole de fitopatógenos. Essas características fazem da espécie um candidato relevante para estudos genômicos voltados à identificação de genes relacionados a interações benéficas com plantas.

Objetivos

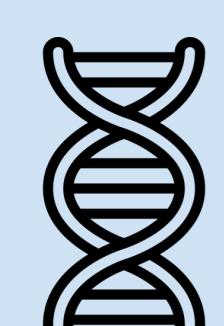
O presente trabalho teve como objetivo investigar o potencial de *S. maltophilia* na promoção de crescimento vegetal por meio da prospecção genômica de genes associados a essa funcionalidade.

Material e Métodos



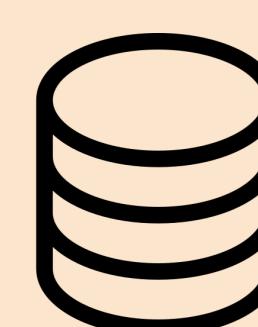
Seleção de genomas

76 genomas de *S. maltophilia* (73 do NCBI + 3 da bacterioteca do GGEM/UFV)
Avaliação de completude contaminação → **CheckM**.



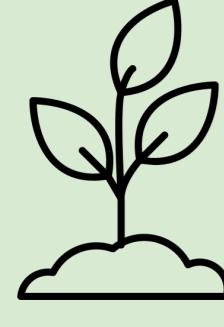
Análise do pangenoma

Ferramenta **BPGA**
Identificação de genes core, acessórios e únicos.



Anotação funcional

Banco de dados **KEGG**
Classificação de genes segundo vias metabólicas e funções biológicas.



Prospecção de genes PGP

Ferramenta **PGPg finder**
Identificação de genes relacionados à promoção de crescimento vegetal.

Apoio Financeiro



Resultados

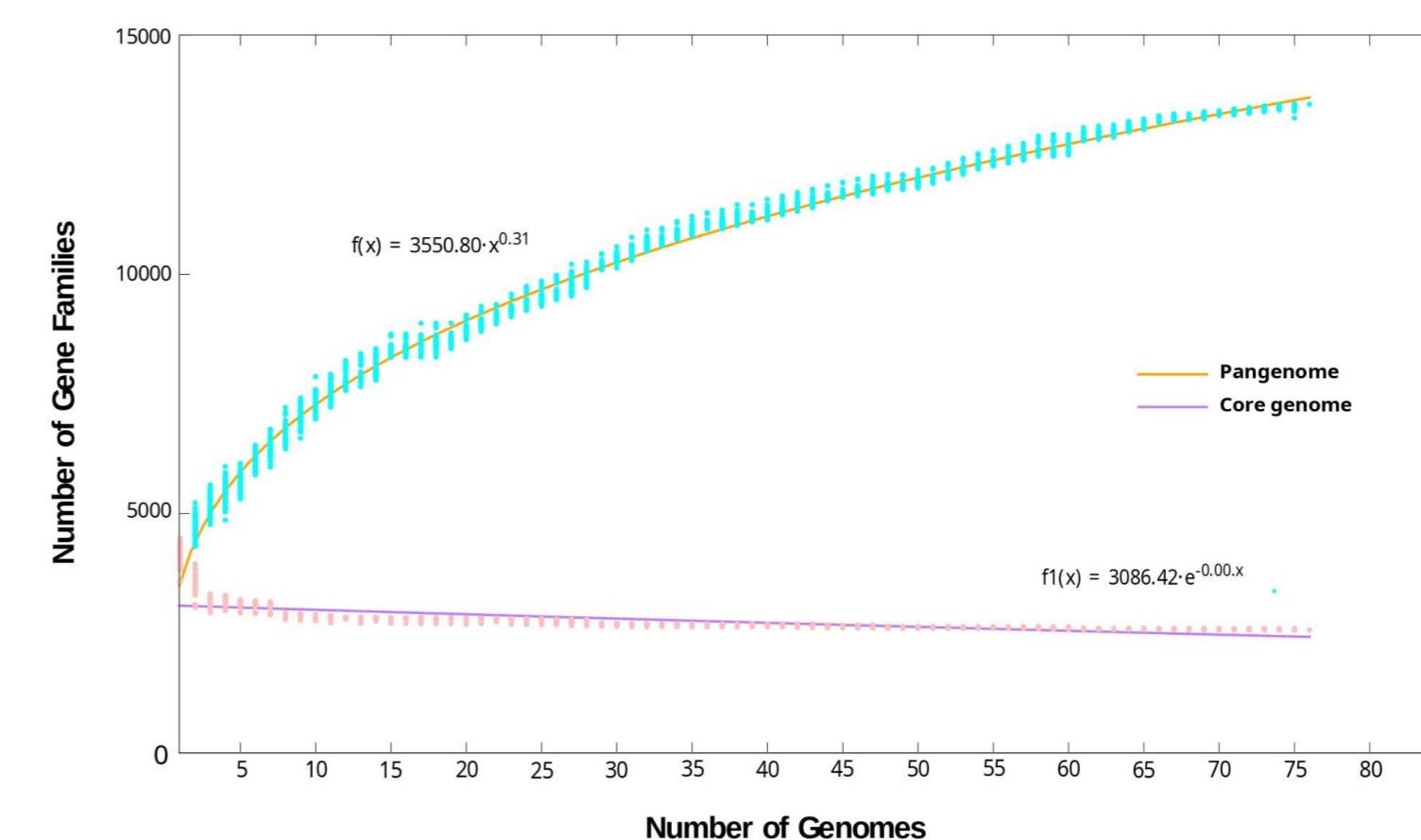
PANGENOMA

2.570 genes

core

950-1.835
acessórios

38
únicos



Curva de rarefação
→ pangenoma aberto ($b = 0,31168$)
alta variabilidade e adaptação ecológica

ANOTAÇÃO GENÔMICA FUNCIONAL

A anotação funcional revelou a prevalência de genes associados ao processamento de informação genética e metabolismo primário no genoma **core**, e processos celulares, processamento de informações ambientais e doenças humanas nos genomas **acessório** e **único**.

GENES ASSOCIADOS À PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO VEGETAL

Fe

Aquisição de ferro:
hutA | *fatA* | *fct* | *foxR*,
ymfI | *fabG* | *efpl*, *tonB*

K

Solubilização de potássio:
kdpE,
kch | *trkA* | *mthK* | *pch*,
kdpA, *kdpB*, *kdpC*, *kdpD*,
trkD | *kup*

P

Solubilização de fosfato:
gloB | *gloC*, *ybgC*, *oprO*

C

Fixação de dióxido de carbono:
ccbR | *cmpR* | *ndhR*,
cynT | *can*, *icd*, *ppc*

N

Aquisição de nitrogênio:
exoR, *narL*, *glnB* | *glnY*

S

Assimilação / mineralização de enxofre:
cysJ, *ssuE*, *ggt*

Conclusões

Conclui-se que *S. maltophilia* apresenta diversidade genética compatível com múltiplas estratégias de promoção de crescimento vegetal, reforçando seu potencial como bioinoculante para práticas agrícolas sustentáveis. A análise do pangenoma integrada à prospecção funcional permitiu identificar genes-chave que poderão subsidiar estudos funcionais futuros e aplicações biotecnológicas voltadas à redução de impactos ambientais na agricultura.