

CARACTERIZAÇÃO DO CLUSTER GÊNICO BIOSINTÉTICO PARA PRODUÇÃO DO SIDERÓFORO PETROBACTINA EM *Bacillus cereus* SOL 105 ISOLADO DE SEDIMENTOS DO RIO SOLIMÕES

DA COSTA¹, Gerodes Vasconcelos; SOUSA^{2,3}, Thiago Fernandes; QUEIROZ¹⁻², Claudia Afras YAMAGISHI³⁻⁴, Michel Eduardo Beleza; SILVA², Gilvan Ferreira

¹ Programa de Pós-Graduação em Agricultura no Trópico Úmido, Instituto Nacional de Pesquisa (INPA) ² Embrapa Amazônia Ocidental (CPAA); ³ Embrapa informática Agropecuária ³ Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, Universidade Federal do Amazonas (UFAM)

E-mail: gerodesvasconcelos5@gmail.com

Introdução: O ferro (Fe) é um micronutriente essencial para vários processos biológicos como respiração celular, fotossíntese e fixação de nitrogênio. Em ambientes aquáticos o ferro dissolvido forma complexos mais estáveis dificultando sua disponibilidade, nesse sentido, a produção microbiana de sideróforos que são moléculas de baixo peso molecular, tem uma função muito importante nesses ecossistemas, pois tornam o ferro passível de ser absorvido por outros organismos (1). Vários grupos de bactérias com destaque para o gênero *Bacillus* são produtores do sideróforo petrobactina, essa molécula é responsável pela promoção de crescimento vegetal e pela aquisição de ferro pela comunidade marinha (1)(2). Em *Bacillus anthracis* os genes AsbABCDE codificam enzimas que participam do processo de transformação do aminoácido espermidina, ácido dihidroxibenzoico e citrato em petrobactina (3). No presente estudo identificamos e caracterizamos o cluster gênico biossintético para produção do sideróforo petrobactin com base no de genoma completo uma bactéria isolada de sedimentos do rio Solimões (SOL 105). **Material e métodos:** A linhagem SOL 105 pertence a coleção biológica do Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Amazônia Ocidental – CPAA. genoma do isolado SOL 105 foi sequenciado com base na plataforma Illumina com *read length* de 2 x 150 bp (Paired End) e cobertura de 100X. Com base no genoma montado, a plataforma antiSMASH foi usada para a identificação de BGCs (clusters gênicos biossintéticos), identificação da classe das moléculas. A predição de função de cada gene foi realizada por meio de análise de domínios na plataforma Pfam e por meio da ferramenta BLAST no GenBank. A identificação do isolado SOL105 foi realizada por dDDH e filogenômica utilizando a plataforma TYGS. O acesso ao patrimônio genético foi autorizado pelo SISGEN N° AB6B14F. **Resultados e discussão:** O isolado SOL 105 foi identificado como sendo pertencente à espécie *Bacillus cereus*. A identificação de vias de metabolismo secundário resultou em 27 BGCs que pertencem a 7 classes distintas, no qual peptídeos não ribossomais (NRP) foram os mais abundantes. Um BGC localizado no scaffold 3 apresentou 100% de similaridade com o BGC relacionado a síntese do sideróforo petrobactin, apresentando os genes asbA, asbB e asbE (sideróforos sintases), asbC (3,4-ácido dihidroxibenzoico-AMP ligase) e asbD que codifica uma proteína carreadora de grupos acil. Também foi localizado neste cluster a presença de um gene que codifica um regulador histidina cinase que é responsável por mecanismos de transdução de sinal por meio da membrana plasmática. Esses dados confirmam o potencial de SOL 105 para produção do sideróforo petrobactina.

Apoio: FAPEAM, CNPq e CAPES

Referências:

- 1- MANCK, Lauren E. et al. Petrobactin, a siderophore produced by *Alteromonas*, mediates community iron acquisition in the global ocean. *The ISME Journal*, v. 16, n. 2, p. 358-369, 2022.
- 2- ADELEKE, Bartholomew Saanu; AYANGBENRO, Ayansina Segun; BABALOLA, Olubukola Oluranti. Genomic analysis of endophytic *Bacillus cereus* T4S and its plant growth-promoting traits. *Plants*, v. 10, n. 9, p. 1776, 2021.
- 3-LEE, Jung Yeop et al. Biosynthetic Analysis of the Petrobactin Siderophore Pathway from *Bacillus anthracis*. *Journal of bacteriology*, v. 189, n. 5, p. 1698-1710, 2007.

