

ANÁLISE GENÔMICA DE ESTIRPES DE *Bacillus* SELECIONADAS SOB ESTRESSE OSMÓTICO VISANDO A IDENTIFICAÇÃO DE GENES RELACIONADOS À PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO^(*)

Lourenço Vitor Silva Ferreira⁽¹⁾, Eliane Aparecida Gomes⁽²⁾, Ubiraci Gomes de Paula Lana⁽³⁾ e Sylvia Morais de Sousa⁽⁴⁾

Palavras-chave: bactérias promotoras de crescimento de plantas, genoma, estresse hídrico.

A seca é um fator multidimensional na natureza que afeta as plantas em vários níveis de organização. O estresse hídrico nas plantas reduz o potencial de água da célula vegetal, elevando as concentrações de solutos no citosol e matriz extracelular, levando à inibição do crescimento e falha reprodutiva. A seca afeta também o fechamento estomático, os limites de trocas gasosas, a transpiração e a assimilação de carbono. O uso de bactérias promotoras do crescimento de plantas (BPCPs) se apresenta como uma alternativa bastante promissora, principalmente pelo seu impacto ambiental reduzido, para aumentar a produção agrícola. Entre as BPCPs, o gênero *Bacillus* tem se destacado, compreendendo um grupo de bactérias Gram-positivas amplamente distribuídas no ambiente, que apresentam características fisiológicas, metabólicas e fenotípicas distintas. Diferentes espécies desse gênero têm sido relatadas como potenciais promotoras de crescimento de plantas em razão das características multifuncionais. Além disso, inoculantes contendo estirpes de *Bacillus* são mais estáveis no ambiente por causa da capacidade de formação de endósporos, permitindo adaptação a condições abióticas extremas, como altas temperaturas, pH ou exposição a pesticidas. Este trabalho teve como objetivo caracterizar o genoma de cinco estirpes de *Bacillus* da Coleção de Microrganismos Multifuncionais da Embrapa Milho e Sorgo, isoladas do bioma Caatinga, para predição de características de promoção de crescimento de plantas, principalmente relacionadas à tolerância ao estresse hídrico. Os genomas foram sequenciados na plataforma Illumina HiSeq 4000, no Beijing Genomics Institute - BGI, usando a estratégia 150 *paired-end*. As reads sequenciadas foram montadas usando o software SPAdes e verificadas pelos softwares BUSCO e QUAST. Os genomas foram anotados usando o software PROKKA, versão 1.8 e o software RAST, versão 2.0. A análise filogenética foi realizada com todo o genoma sequenciado, utilizando o software TYGS, por meio da classificação e identificação baseadas em genomas completos. O tamanho total dos genomas variou entre 3,9 e 4,2 milhões de pares de bases (pb), montados entre 27 e 42 contigs. O conteúdo GC variou de 43,5% a 46,5%, com um N50 variando de $4,75 \times 10^5$ a $2,1 \times 10^6$ pb. O número de sequências codificadoras obtidas pelas anotações variou de $3,9 \times 10^3$ a $4,5 \times 10^3$. Foram identificados genes envolvidos em respostas ao choque térmico, osmorregulação, formação de endósporos e outras respostas aos estresses osmótico e oxidativo. As estirpes estudadas são promissoras candidatas para serem utilizadas como inoculantes microbianos pela sua capacidade de amenizar os efeitos nocivos do estresse hídrico, regular características morfofisiológicas e promover o crescimento das plantas.

* Fonte financiadora: Capes, INCT/CNPq, MCTIC/FINEP

⁽¹⁾ Mestrando em Bioengenharia, Universidade Federal de São João del-Rei (UFSJ), São João del-Rei-MG; e-mail: lourencoferreira.bio@gmail.com



⁽²⁾ Bióloga, Pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG

⁽³⁾ Químico, Analista de pesquisa e desenvolvimento, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG

⁽⁴⁾ Bióloga, Pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG. E-mail: sylvia.sousa@embrapa.br