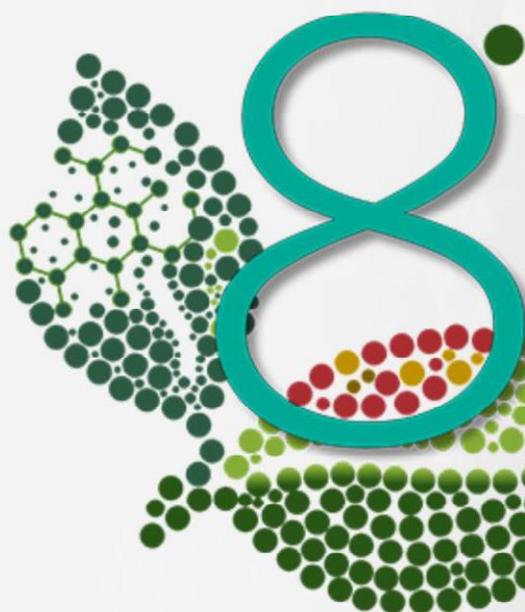


8º CDMICRO | Evento Presencial



CONGRESSO SOBRE DIVERSIDADE MICROBIANA DA AMAZÔNIA

DIVERSIDADE MICROBIANA:
DESAFIOS E OPORTUNIDADES

ANAIS 2023

24 a 27 de abril de 2023 | UFAM - MANAUS - AM

Organização



UEA
UNIVERSIDADE
DO ESTADO DO
AMAZONAS



Ministério da Saúde
FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz
Instituto Leônidas e Maria Orlan



Apoio



Secretaria de
Desenvolvimento
Econômico, Ciência,
Tecnologia e Inovação



Predição de genes relacionados ao biocontrole de fitopatógenos a partir do genoma de *Paraburkholderia* sp. brg2

Ícaro Nascimento Lima¹; **Izabel Correa Bandeira**²; **Gilvan Ferreira da Silva**³

¹Bolsista. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Amazônia Ocidental. Rodovia AM-010, Km 29, (Estrada Manaus/Itacoatiara), Caixa Postal 319, CEP 69010-970, Manaus - AM; ²Bolsista. Universidade Federal do Amazonas. Av. General Rodrigo Octavio Jordão Ramos, 1200, Coroado I, CEP 69067-005, Manaus - AM; ³Pesquisador. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Amazônia Ocidental. Rodovia AM-010, Km 29, (Estrada Manaus/Itacoatiara), Caixa Postal 319, CEP 69010-970, Manaus - Am.

Resumo

A interação benéfica entre plantas e bactérias é fundamental para a agricultura, podendo melhorar a fertilidade do solo, o rendimento das culturas, a proteção contra patógenos e, portanto, reduzir os impactos negativos de fertilizantes e defensivos químicos no meio ambiente. Nas últimas duas décadas, o gênero *Paraburkholderia* ganhou uma importância considerável por sua capacidade de fixar nitrogênio, promover o crescimento das plantas e degradar compostos químicos recalcitrantes, além disso, novos estudos mostraram que ao entrar em contato com alguns tecidos vegetais, espécies de *Paraburkholderia* tendem a aumentar a tolerância ao estresse vegetal, induzir resistência sistêmica e conferir proteção contra fitopatógenos. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi minerar genes relacionados ao controle de fitopatógenos utilizando o genoma de uma nova linhagem de *Paraburkholderia* (BRG2) que foi isolada do caule reptante de samambaia rabo-de-guariba na região rural de Manaus/AM. A predição de genes foi realizada através da ferramenta RAST 2.0 e comparadas com o banco de dados de sequências de proteínas do NCBI (National Center for Biotechnology Information). Foram identificados no genoma de BRG2 genes relacionados à quimiotaxia, biossíntese de flagelos e de fímbrias. As proteínas codificadas por esses genes induzem respostas precoces e de longo prazo na imunidade da planta e podem atuar no crescimento vegetal, além disso, essas proteínas permitem o reconhecimento de hifas e adesão na superfície fúngica pelas bactérias. Em adição, foram identificadas uma gama de clusters gênicos relacionados aos sistemas de secreção tipo II, III, IV e VI (T2SS, T3SS, T4SS e T6SS, respectivamente). Esses sistemas de secreção podem injetar proteínas efetoras que atravessam a parede celular (injeção) e atuam na planta hospedeira para modular a transdução de sinal da planta e provocar respostas de defesa do hospedeiro. A linhagem BRG2 possui um amplo repertório de genes capazes de estabelecer uma associação endofítica e combater fitopatógenos, seja por indução de resistência sistêmica ou por virulência ao agente fitopatogênico, mostrando-se uma opção ecológica para a agricultura sustentável.

Palavras chave: Agricultura sustentável; Biocontrole; Injeção.