

ID TRABALHO: 204/2854-0

ÁREA DO TRABALHO: MICROBIOLOGIA DO SOLO

TÍTULO DO TRABALHO: Genômica E Análise Funcional De Uma Nova Espécie Amazônica De *Schwanniomyces* Produtora De Aia

AUTORES: Izabel Correa Bandeira, Iohanna Letícia Monteiro Meirelles Viana, Thiago Fernandes Sousa, Felipe Moras Cordeiro, Gilvan Ferreira Silva

INSTITUIÇÃO: Embrapa Amazônia Ocidental

RESUMO:

O ácido indolacético (AIA) é uma das moléculas-chave no controle do crescimento vegetal, e sua produção por microrganismos representa um recurso estratégico para o desenvolvimento de bioinsumos sustentáveis com alto potencial agrônomo. Embora bactérias e fungos filamentosos predominem entre os bioinoculantes comerciais, leveduras têm se destacado por sua versatilidade metabólica, resiliência ambiental e facilidade de cultivo, características ainda pouco exploradas. Neste estudo, caracterizamos a linhagem *Schwanniomyces* sp. CPAA-BSF15 isolada em meio de seleção positivo para solubilização de fosfato de alumínio (AIPO₄) a partir de amostra de solo da Reserva de Desenvolvimento Sustentável do Rio Negro. A produção de AIA foi quantificada a partir do sobrenadante de cultivo em meio YEM suplementado com triptofano (200 mg/L), utilizando o reagente de Salkowski (1:1). O antagonismo por compostos voláteis foi avaliado em placas bipartidas contra o fitopatógeno *Agroathelia rolfsii*, incubadas por 3 dias a 29°C. O genoma da linhagem foi sequenciado via plataforma Nanopore PromethION, montado com Flye (Galaxy version 2.9.6+galaxy0) e avaliado com BUSCO v5.8.0 (Saccharomycetes_odb10). A identificação taxonômica foi realizada por meio de análise filogenética (Máxima Verossimilhança) com dados concatenados das regiões ITS e LSU, utilizando linhagens-tipo do gênero *Schwanniomyces* e de gêneros relacionados da família Debaryomycetaceae. A delimitação específica foi complementada por análises genômicas de hibridização digital DNA-DNA (dDDH), calculadas pelo Genome-to-Genome Distance Calculator (GGDC), e por identidade média de nucleotídeos (ANI). A identificação de genes da via de biossíntese do AIA foi realizada via análise de similaridade inicial com proteínas (BLASTp) seguido pela localização e anotação no genoma. O sequenciamento genômico resultou em uma montagem de alta qualidade com 13,07 Mb, distribuídos em 28 contigs com N50 de 1 Mb e ausência de gaps. A avaliação de completude demonstrou 99,1% de completude, representando a melhor montagem genômica disponível para o gênero *Schwanniomyces* até o momento. A análise filogenética concatenada das regiões ITS e LSU posicionou *Schwanniomyces* sp. CPAA-BSF15 como grupo-irmão de *S. polymorphus* var. *polymorphus*, formando um clado bem suportado (bootstrap > 95%). Os dados

filogenômicos em relação a espécie mais próxima *S. polymorphus*, posicionam a linhagem CPAA-BSF15 como uma nova espécie com dDDH de 32.2% e ANI de 86,6%. Do ponto de vista funcional CPAA-BSF15 produziu 229,9 µg/mL de AIA in vitro em 72 horas e o antagonismo por compostos orgânicos voláteis resultou em 42,6% de inibição do crescimento micelial de *A. rolfsii*. A análise genômica de vias de biossíntese identificou os genes que codificam as enzimas tryptophan aminotransferase, pyruvate decarboxylase e indole-3-acetaldehyde dehydrogenase, componentes da via do ácido indolpirúvico (IPyA). Não foram detectados genes associados a outras rotas biossintéticas, indicando predominância da via IPyA para a produção de AIA na linhagem CPAA-BSF15. Os resultados demonstram que esta nova espécie apresenta um perfil multifuncional para promoção de crescimento vegetal, combinando capacidade de solubilização de fosfato inorgânico, elevada produção de fitormônio (AIA) e atividade antagônica contra fitopatógenos de solo, posicionando esta linhagem como candidata promissora para desenvolvimento de bioinoculante multifuncional.

Palavras-chave: Schwanniomyces, AIA, bioinoculante, leveduras amazônicas.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro Edital Pró-Amazônia (Processo N°: 445406/2024-0 e Processo: 445388/2024-2).