ANÁLISE GENÔMICA DE *Bacillus velezensis* IM14 UM AGENTE ANTAGONISTA DE AMPLO ESPECTRO CONTRA FUNGOS FITOPATOGÊNICOS

Gisele de Fátima Dias Diniz[1], Luciano Viana Cota[2], José Edson Fontes Figueiredo[3], Sylvia Morais de Sousa Tinoco[4], Lourenço Vitor Silva Ferreira[5], Vera Lúcia dos Santos[6], Christiane Abreu de Oliveira-Paiva[7]

Palavras-chave: biofungicida, genoma, biocontrole, genes, antifúngicos

Espécies do gênero *Bacillus* se destacam como agentes de controle biológico devido à sua capacidade de produzir metabólitos bioativos secundários com atividade antagônica contra fungos fitopatogênicos. O desenvolvimento de técnicas moleculares avançadas, como a gênomica, nos permite a compreensão detalhada dos mecanismos de biocontrole de diversos microrganismos, incluindo a identificação de genes responsáveis pela biossíntese de metabólitos antifúngicos importantes. O objetivo deste trabalho foi caracterizar o genoma de uma cepa de *Bacillus* (IM14), pertencente à Coleção de Microrganismos Multifuncionais da Embrapa Milho e Sorgo que possui atividade antagonista de amplo espectro contra diferentes fungos fitopatogênicos. O genoma foi sequenciado usando a plataforma Illumina HiSeq 4000 e a estratégia final de 150 pares do Beijing Genomics Institute (BGI). As leituras sequenciadas foram montadas com SPAdes e verificadas pelos softwares QUAST e BUSCO. O genoma foi anotado usando os softwares PROKKA (versão 1.8) e RAST (versão 2.0). A análise filogenética foi realizada com todo o genoma sequenciado utilizando o software Type (Strain) - Genome Server TYGS. O tamanho total do genoma foi de 3.997.574 pares de bases (pb) e cobertura de 489 com 57 contigs. O conteúdo de GC foi de 46,38% com um N50 de 468182. A análise genômica revelou que a cepa IM14 apresentou alta similaridade com a espécie *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *plantarum*, recentemente reclassificada como *Bacillus velezensis*. Depois da previsão e anotação do genoma, obteve-se 4062 CDS com 1.177 genes com funções atribuídas, sendo divididos em 26 subsistemas. O genoma de *B. velezensis* IM14 abriga agrupamentos de genes que são responsáveis pela biossíntese de vários lipopeptídeos antifúngicos de amplo espectro, incluindo fengicina (*fen*), surfactina (*srfA*), iturina (*itu*), bacilomicina D (*bmy*) e paenilarvins. Além de um cluster de genes (*pks2*) sintetizador do policetídeo macrolactina e um agrupamento de genes para síntese de micosubtilina (*myc*) e bacilisina (*bac*). Esses compostos além de metabólitos antimicrobianos atuam como indutores de resistência sistêmica (ISR) em plantas. Um operon (*pps*) sintetizador de piplastatina, relatada por exibir atividade antifúngica também foi identificado no cromossomo de IM14. *Bacillus velezensis* IM14 possui ainda um cluster de genes (*dhb*) codificado para o sideróforo bacillibactina, que está envolvido na quelação de ferro na rizosfera, inibindo o desenvolvimento de microrganismos que dependem do ferro para sua sobrevivência, incluindo fitopatógenos, que têm menor capacidade de competição por ferro. Os resultados obtidos nesse trabalho demonstram que análise do genoma forneceu dados referentes a sequência completa do material genético da cepa *Bacillus velezensis* IM14, sendo possível identificar genes específicos que codificam metabólitos secundários envolvidos na ação de controle dos fitopatógenos. Dessa forma, conclui-se que a análise gênomica contribui para compreender os mecanismos de ação dos microrganismos antagonistas, incluindo a descoberta de genes que codificam compostos antifúngicos.

* Fonte financiadora: Bioma, Simbiose, Embrapa, CAPES, CNPq, FAPEMIG

(1) Engenheira Agrônoma, Bolsista pós-doutorado, Embrapa Milho e Sorgo, Rodovia MG 424, Km 45, Zona Rural, Sete Lagoas, MG. E-mail: giselediniz@gmail.com

(2) Engenheiro Agrônomo, Pesquisador, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. E-mail: luciano.cota@embrapa.br

(3) Biólogo, Pesquisadora, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. E-mail: jose.edson@embrapa.br

(4) Bióloga, Pesquisadora, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. E-mail: sousa.sm@gmail.com

(5) Biólogo, bolsista de doutorado, Universidade Federal de São João del-Rei, São João del-Rei, MG. E-mail: lourencoferreira.bio@gmail.com

(6) Engenheira Agrônoma, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG. E-mail: verabio@gmail.com

(7) Engenheira Agrônoma, Pesquisadora, Embrapa Milho e Sorgo, Rodovia MG 424, Km 45, Zona Rural, Sete Lagoas, MG E-mail: christiane.paiva@embrapa.br