

ANÁLISE GENÔMICA DE CEPAS DE *Azospirillum* PARA IDENTIFICAÇÃO DE GENES RELACIONADOS AO METABOLISMO DE NITROGÊNIO^(*)

Vitória Palhares Ribeiro⁽¹⁾, Lourenço Vitor Silva Ferreira⁽²⁾, Samuel Felipe Azevedo Galvão⁽³⁾, Sylvia Moraes de Sousa Tinoco⁽⁴⁾, Ubiraci Gomes de Paula Lana⁽⁵⁾, Ivanildo Evódio Marriel⁽⁶⁾, Christiane Abreu de Oliveira-Paiva⁽⁷⁾

Palavras-chave: Agricultura sustentável, genoma, fixação de nitrogênio, engenharia genética.

A agricultura moderna enfrenta novos desafios e utiliza abordagens moleculares e ecológicas combinadas para melhorar os rendimentos agrícolas. O gênero *Azospirillum* é importante para o desenvolvimento de novos bioprodutos, visando principalmente o aumento da produção em condições de estresse abiótico. Este trabalho teve como objetivo analisar os genomas de duas linhagens de *Azospirillum* (CMS1626 e CMS2142) da Coleção de Microrganismos Multifuncionais da Embrapa Milho e Sorgo com ênfase em características de promoção de crescimento de plantas. Os genomas foram sequenciados na plataforma Illumina HiSeq 4000 do Beijing Genomics Institute - BGI, utilizando a estratégia de 150 pares de extremidades seguidas. O tamanho total dos genomas variou entre 6,9 e 7,7 milhões de pares de bases, contendo entre 164 e 170 contigs. O teor de GC foi igual a 68,43% para *A. argentinense* (CMS1626) e 68,59% para *A. brasilense* (CMS2142). O número de sequências codantes das anotações variou de $6,5 \times 10^3$ a $7,3 \times 10^3$. A análise parcial do genoma permitiu a identificação do operon completo dos genes *nifHDK* envolvidos na fixação de nitrogênio como por exemplo a codificação do complexo ligado diretamente à síntese e atividade da nitrogenase. Ambas as estirpes possuem genes envolvidos na ativação da Fe-proteína e biossíntese de cofator de ferro-molibdênio. Entretanto, a estirpe CMS2142 não possui os genes (*vnfD*, *vnfD* e *vnfK*) envolvidos na biossíntese da nitrogenase como o cofator de ferro-vanádio. Em ambas as estirpes foram identificados os genes para transporte de nitrato/nitrito (*nasD*), nitrito assimilatório (*nirQ*), nitrato redutase (*nasA*), óxido nítrico redutase *norBC*, óxido nítrico redutase *nosZ* e uroporfirina III C-metiltransferase (*cysG*). Além disso, na estirpe CMS2142 foi identificada a enzima nitrito redutase contendo cobre, que catalisa a redução de íons nítrico (NO^2) a óxido nítrico e íons de amônio (NH^4). Sendo assim, esse estudo demonstrou a possibilidade do uso de linhagens de *Azospirillum* para desenvolver estratégias mais eficazes de manejo agrícola sustentável, minimizando a poluição ambiental causada pela perda de nitrogênio e maximizando o uso eficiente desse nutriente essencial para as plantas. A aplicação de técnicas de engenharia genética para modificar essas duas linhagens de *Azospirillum*, deverá melhorar a capacidade de desnitrificação, reduzindo assim a perda de nitrogênio no solo e aumentando a disponibilidade de nitrogênio para as plantas.

* Fonte financiadora: CAPES; Embrapa Milho e Sorgo; Finep.

(1) Bióloga, Bolsista pós-doutorado, na Embrapa Milho e Sorgo, Rodovia MG-424- km 45, Sete Lagoas-MG. E-mail: vitypalhares18@hotmail.com

(2) Biólogo, Bolsista de doutorado, Universidade Federal de São João del Rei, Rua Padre João Pimentel,80, São João del Rei- MG. E-mail: lourencoferreira.bio@aluno.ufsj.edu.br

(3) Biotecnologista, Bolsista de doutorado, Universidade Federal de São João del Rei, Rua Padre João Pimentel,80, São João del Rei- MG. E-mail: samuelgalvao96@hotmail.com

(4) Bióloga, Pesquisadora da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária/Milho e Sorgo, MG-424, Km 45- Zona Rural, Sete Lagoas- MG. E-mail: sylvia.sousa@embrapa.br

(5) Químico, Analista da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária/Milho e Sorgo, MG-424, Km 45- Zona Rural, Sete Lagoas- MG. E-mail: ubiraci.lana@embrapa.br

(6,7) Agrônomo(a), Pesquisador(a) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária/Milho e Sorgo, MG-424, Km 45- Zona Rural, Sete Lagoas- MG.

E-mail: ivanildo.marriel@embrapa.br, E-mail: christiane.paiva@embrapa.br