

DIVERSIDADE DE CLUSTERS GÊNICOS E POTENCIAL BIOSSINTÉTICO DE *Bacillus* spp.

Kássia Lorrany Marques de Paula¹; Vanislene Borges da Silva¹; Enderson
Petrônio de Brito Ferreira²; Adriane Wendland².

¹Bolsista de pós-graduação. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, Goiás - Brasil. ²Pesquisador. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, Goiás - Brasil. E-mail: kassiaville@gmail.com

Pertencente à família Bacillaceae, o gênero *Bacillus* abriga diversas espécies com importância agrônoma e como recurso genético. Além disso, é dividido em grupos funcionais ou complexos de espécies por possuir espécies intimamente relacionadas. As análises *in silico* de genomas pela ferramenta de bioinformática antiSMASH possibilita prever e prospectar uma ampla gama de metabólitos secundários. Nesse contexto, objetivou-se realizar a mineração genômica para identificar e caracterizar o potencial biossintético de cepas de referência depositadas no GenBank e analisar a diversidade dos clusters presentes. Foram obtidos do banco de dados do NCBI os genomas completos de *Bacillus subtilis* (AL009126.3), *Bacillus amyloliquefaciens* (CP072120.1), *Bacillus velezensis* (CP009679.1), *Bacillus licheniformis* (CP014842.1) e *Bacillus pumilus* (GCF_003020795.1), selecionadas por serem as espécies mais utilizadas na agricultura, como agentes de controle biológico e promotoras de crescimento vegetal. Para a identificação de Clusters Gênicos Biossintéticos (BGCs), foi utilizada a plataforma antiSMASH Bacterial Version 7.1.0 (Antibiotics and Secondary Metabolites Analysis Shell). Foram identificados ao todo 22 clusters gênicos que codificam diferentes compostos secundários, e dentre estes apenas os NRPS (peptídeos não ribossômicos), Terpene, betalactone e NRP-metallophone estavam presentes em todas as cepas. Os clusters sactipeptide, ranthipeptide, epipeptide e glycocin foram identificados apenas em *B. subtilis*, assim como o lanthipeptide e thiopeptide em *B. licheniformis*, o fosfonate em *B. velezensis* e o T1PKS em *B. pumilus*. Foram identificados um total de 20 clusters em *B. subtilis*, 19 em *B. amyloliquefaciens* e 19 em *B. velezensis*, 15 em *B. pumilus* e 13 em *B. licheniformis*. A maior parte dos clusters identificados são ligados à produção de lipopeptídeos cíclicos como surfactinas, iturinas e fengicinas, lipopeptídeos lineares como bacilisin, bacillibactina e Policetídeos (PKs) como difidinas e macrolactinas, associados principalmente à metabólitos antimicrobianos e biosurfactantes. Também foram identificados clusters híbridos. Foi observada uma variação significativa no número de BGCs entre as diferentes cepas. Esses resultados oferecem uma comparação sistemática do número de BGCs entre as espécies analisadas. Além disso, dada a diversidade desses clusters, é notável o potencial biossintético de *Bacillus* spp.

Palavras-chave: Agricultura; Microrganismos multifuncionais; Mineração do genoma.

Agradecimentos: CAPES e CNPq.