

IDENTIFICAÇÃO DE CLUSTERS DE GENES BIOSINTÉTICOS EM *Bacillus* sp. BRM 63400

Vanislene Borges da Silva¹; Laura Cristina da Silva Almeida¹; Kássia Lorrany
Marques de Paula¹; Elder Tadeu Barbosa²; Márcio Vinicius de Carvalho
Barros Cortes²; Murillo Lobo Junior²

¹Universidade Federal de Goiás / Programa de Pós-Graduação em Agronomia. ²Embrapa Arroz e Feijão. E-mail: vanisleneborges13@gmail.com

O gênero *Bacillus* abriga diversas espécies de importância agrônômica, com destaque para *Bacillus subtilis*. Esses microrganismos multifuncionais são conhecidos por sua versatilidade metabólica e produção de compostos bioativos. Objetivou-se realizar a mineração genômica para caracterizar o potencial biossintético e biotecnológico da cepa de *Bacillus* sp. BRM 63400, que possui atividade antifúngica e nematicida. O genoma completo da cepa obtida pela Embrapa Arroz e Feijão foi analisado na plataforma antiSMASH Bacterial Version 7.1.0, com resultados utilizados para a identificação de clusters gênicos biossintéticos (BGCs), determinação da classe das moléculas e função dos genes. Foram identificados 14 clusters, que codificam diferentes compostos secundários. Entre estes, três são de peptídeos não ribossômicos (NRPS). Um deles apresenta 82% de similaridade com o cluster de surfactina de *B. velezensis*, composto de propriedades antimicrobianas e tensoativas. O cluster de NRPS identificado está associado à produção de fengycina, um lipopeptídeo antifúngico, apresentando 100% de similaridade com o cluster de *B. velezensis* FZB42. Um terceiro NRPS está relacionado à biossíntese de bacillibactina, com 100% de similaridade com o cluster de *B. subtilis* subsp. *subtilis* str. 168. Além disso, foi identificado o cluster híbrido trans-AT-PKS/PKS-like/T3PKS/NRPS com 100% de similaridade ao cluster bacillaeno, um composto antifúngico, também descrito em *B. velezensis*. Outro cluster é um T3PKS com 16% de similaridade ao cluster de ácido 1-carbapen-2-em-3-carboxílico, um composto com atividade antibacteriana. Ademais, foram identificados dois clusters de sactipeptídeos. Um destes apresentou 100% de similaridade com o cluster de fator de morte por esporulação de *B. subtilis* subsp. *subtilis* str. 168. O segundo é similar ao encontrado em *B. subtilis* subsp. *spizizenii* ATCC 6633, sugerindo a conservação deste tipo de composto bioativo em diferentes subespécies. A análise ainda revelou a presença de clusters para betalactonas e glicocinas onde um cluster de glicocina apresentou 100% de similaridade ao cluster sublancin de *B. subtilis* subsp. *subtilis* str. 168, com potencial uso antimicrobiano. A caracterização desses BGCs expande o entendimento sobre o potencial biossintético da cepa BRM 63400 e da mineração genômica como ferramenta para a exploração de compostos bioativos em recursos genéticos microbianos, com aplicações em saúde, agricultura e na indústria.

Palavras-chave: Controle biológico; Mineração do genoma; Metabólitos secundários.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPED.