



Análise genômica de bactérias do gênero *Stenotrophomonas* isoladas de vermicomposto

Francisnei Pedrosa-Silva, Filipe Pereira Matteoli, Thiago Motta Venancio

O aumento contínuo da população mundial e a adoção de práticas agrícolas intensivas são diretamente associados ao uso de grandes quantidades de fertilizantes químicos e poluição ambiental. Uma das alternativas para mitigar esses danos é o manejo sustentável do solo. Dentre técnicas utilizadas, destaca-se a vermicompostagem, processo de biotransformação da matéria orgânica mediada por microrganismos e minhocas para produção de substâncias húmicas ricas em nutrientes. Ademais, vermicompostos são uma fonte rica de diversidade microbiana, especialmente de rizobactérias promotoras do crescimento de plantas (*Plant growth-promoting rhizobacteria*, PGPR). Dentre as PGPR, bactérias do gênero *Stenotrophomonas* tem demonstrado características de interesse biotecnológico para biocontrole de fitopatógenos, bioremediação e promoção do crescimento de plantas. Neste trabalho reportamos o sequenciamento e análise dos genomas completos de três isolados de *Stenotrophomonas* sp. (UENF-4GII, UENF-5BGII e UENF-26GIII) de vermicomposto. O sequenciamento foi realizado com o instrumento Illumina HiSeq 2500. Os dados brutos do sequenciamento (i.e. *reads*) foram montados com os softwares SPAdes e GFINISHER, resultando em *drafts* genômicos de alta qualidade. Genes foram preditos com o software PROKKA. Foi realizada extensa curadoria manual para localização genes envolvidos com a promoção do crescimento vegetal e de interesse biotecnológico. Análises filogenéticas do RNAr 16S foram realizadas utilizando estimativas de máxima verossimilhança pelo software RAxML. Os isolados apresentaram genes codificadores de quitinases (envolvidos em processos de biocontrole), genes de resistência a metais pesados (cádmio, cobalto e zinco), fosfatases, genes envolvidos na biossíntese de espermidina (promotor do crescimento vegetal) e um gene que participa na síntese de auxina pela via do indol-3-piruvato (IPA). Nossas análises filogenéticas revelaram que os isolados pertencem a espécie *Stenotrophomonas maltophilia*. Com base nos resultados, os isolados apresentaram características genômicas importantes que poderão abrir caminhos para novos estudos e aplicações biotecnológicas para a agricultura sustentável.

Palavras-chave: Genômica, *Stenotrophomonas*, Biotecnologia.

Instituição de fomento: CAPES e FAPERJ