

**XU** Congresso  
Fluminense  
de Iniciação  
Científica e Tecnológica

**28<sup>o</sup>**

Encontro de  
Iniciação  
Científica  
da UENF

**20<sup>o</sup>**

Circuito de  
Iniciação  
Científica do  
IFFluminense

**16<sup>a</sup>**

Jornada de  
Iniciação  
Científica  
da UFF



**U III** Congresso  
Fluminense de  
Pós-Graduação

**23<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
da UENF

**8<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
do IFFluminense

**8<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
da UFF

## Genômica comparativa de bactérias do gênero *Azospirillum*

*Isabella de Oliveira Pinheiro, Francisnei Pedrosa da Silva, Thiago Motta Venancio*

Bioinoculantes constituem uma abordagem promissora para a intensificação sustentável da agricultura. Dentre as bactérias frequentemente usadas em bioinoculantes, a espécie *Azospirillum brasilense* ocupa papel de destaque. No entanto, a genômica comparativa dentro do gênero ainda é pouco explorada. Nesse sentido, este estudo tem como objetivo prospectar novas espécies com potencial agrônomo, através da caracterização e comparação do conteúdo gênico associado aos mecanismos biofertilização, bioestimulação e biorremediação identificados nos genomas de *Azospirillum*. A seleção dos genomas de *Azospirillum* ocorreu por meio da filtragem de qualidade e análise de distância utilizando a ferramenta MASH, a partir de um conjunto inicial de 180 genomas da família Azospirillaceae disponíveis no Genbank/NCBI. A classificação taxonômica foi realizada por identidade média de nucleotídeos (ANI>95%). O pangenoma do gênero foi determinado pelo Roary e os SNPs do core foram usados para construir uma filogenia de máxima verossimilhança usando o IQ-TREE, avaliada em associação com dados sobre o local de isolamento e o conteúdo G+C% das cepas. O perfil de virulência e resistência das cepas foi avaliado pelo uso dos bancos de dados gênicos VFDB e CARD pelo USEARCH, enquanto os genes de interesse biotecnológico foram identificados por meio do banco de dados PLaBase. Identificamos 63 genomas de *Azospirillum* compostos por 11 aglomerados de espécies. O gênero apresenta ainda, dois grupos principais, A e B, com maior proximidade genética entre os isolados. As cepas apresentaram um pangenoma aberto, com a maior parte composto por genes únicos e de baixa frequência. A filogenia identificou cinco clados com distribuição variável de conteúdo de G+C e uma forte associação com organismos vegetais. Os clados III e IV, que contêm principalmente os genomas dos grupos A e B, apresentaram o maior número de espécies e com variação do conteúdo de G+C de 67% a 68%. O viruloma foi composto por 58 genes, sendo 20 centrais associados principalmente a evasão imune. No resistoma central estão presentes 3 genes e 31 acessórios, principalmente envolvidos à bombas de efluxo. As cepas apresentaram genes do metabolismo do nitrogênio, fósforo, potássio e ferro; a produção de auxina, citocinina e outros bioestimulantes. Além disso, possuem capacidade de resistir à metais traços e metabolizar compostos aromáticos intermediários. O perfil diferencial de genes em *Azospirillum*, evidenciou que os genes de bioestimulação são prevalentes no gênero, e que cepas em clados menos estudados possuem repertório genômica relacionada à interação com as plantas com potencial agrônomo ainda pouco explorado.

*Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal /UENF*  
*Apresentação de Pôster*

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



**XU** Congresso  
Fluminense  
de Iniciação  
Científica e Tecnológica

**28<sup>o</sup>**  
Encontro de  
Iniciação  
Científica  
da UENF

**20<sup>o</sup>**  
Circuito de  
Iniciação  
Científica do  
IFFluminense

**16<sup>a</sup>**  
Jornada de  
Iniciação  
Científica  
da UFF



**UIII** Congresso  
Fluminense de  
Pós-Graduação

**23<sup>a</sup>**  
Mostra de  
Pós-Graduação  
da UENF

**8<sup>a</sup>**  
Mostra de  
Pós-Graduação  
do IFFluminense

**8<sup>a</sup>**  
Mostra de  
Pós-Graduação  
da UFF

## Comparative genomics of bacteria of the genus *Azospirillum*

*Isabella de Oliveira Pinheiro, Francisnei Pedrosa da Silva, Thiago Motta Venancio*

Bioinoculants constitute a promising approach for the sustainable intensification of agriculture. Among the bacteria frequently used in bioinoculants, the species *Azospirillum brasilense* occupies a prominent role. However, comparative genomics within the genus is still little explored. In this sense, this study aims to prospect new species with agronomic potential, through the characterization and comparison of the gene content associated with the biofertilization, biostimulation and bioremediation mechanisms identified in the genomes of *Azospirillum*. The selection of *Azospirillum* genomes was performed by quality filtering and distance analysis using the MASH tool, from an initial set of 180 genomes of the Azospirillaceae family available at Genbank/NCBI. Taxonomic classification was performed by mean nucleotide identity (ANI>95%). The pangenome of the genus was determined by Roary and the core SNPs were used to construct a maximum likelihood phylogeny using the IQ-TREE, evaluated in association with data on the isolation site and the G+C% content of the strains. The virulence and resistance profile of the strains was evaluated using the VFDB and CARD gene databases by USEARCH, while the genes of biotechnological interest were identified using the PLaBase database. We identified 63 *Azospirillum* genomes composed of 11 species clusters. The genus also presents two main groups, A and B, with greater genetic proximity between the isolates. The strains showed an open pangenome, with the majority composed of unique and low-frequency genes. Phylogeny identified five clades with variable distribution of G+C content and a strong association with plant organisms. Clades III and IV, which mainly contain the genomes of groups A and B, had the highest number of species and with a variation in G+C content from 67% to 68%. The viruloma was composed of 58 genes, 20 of which are central, mainly associated with immune evasion. In the central resistome, 3 genes and 31 accessories are present, mainly involved in efflux pumps. The strains showed genes for nitrogen, phosphorus, potassium and iron metabolism; the production of auxin, cytokinin and other biostimulants. In addition, they have the ability to resist trace metals and metabolize intermediate aromatic compounds. The differential profile of genes in *Azospirillum* showed that biostimulation genes are prevalent in the genus, and that strains in less studied clades have a genomic repertoire related to the interaction with plants with agronomic potential still little explored.

Postgraduate Program in Plant Biotechnology /UENF  
Poster Presentation

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

