

PESQUISA/INICIAÇÃO CIENTÍFICA - PESQUISA/ INICIAÇÃO CIENTÍFICA

**BANCO DE DADOS BIOLÓGICOS SOBRE BACTÉRIAS PROMOTORAS DO
CRESCIMENTO DE PLANTAS.**

Eloá Martins Egea (martinsegeaeloa@gmail.com)

Lucas Gimenes Costa (lucas.costa044@academico.ufgd.edu.br)

Kauanny Wictoria Plenz (kauanny.plenz055@academico.ufgd.edu.br)

Maricy Raquel Lindenbah Bonfá (maricybonfa@ufgd.edu.br)

Rodrigo Matheus Pereira (rodrigopereira@ufgd.edu.br)

No ambiente natural, bactérias colonizam os órgãos das plantas, podendo ser prejudiciais, neutras ou benéficas; as bactérias benéficas, conhecidas como PGPR (Bactérias promotoras do crescimento de plantas), vivem na rizosfera, colonizam as raízes e promovem o crescimento vegetal de diversas formas. Essas bactérias estimulam o desenvolvimento das plantas por meio de mecanismos como fixação de nitrogênio, produção de fitormônios, solubilização de nutrientes, controle biológico com substâncias antimicrobianas e melhoria da estrutura do solo. Assim, o estudo dessas bactérias abre caminho para o desenvolvimento de biofertilizantes e biopesticidas, reduzindo a dependência de produtos químicos sintéticos e promovendo práticas agrícolas mais sustentáveis. Compondo parte essencial da microbiota do solo e podendo contribuir à evolução de técnicas de manejo sustentável. Por isso, nos últimos anos, as PGPR têm recebido um interesse crescente como uma alternativa aos pesticidas químicos no controle de doenças nas plantas e como agentes de biocontrole, possuindo resultados bastante promissores. Identificar de forma

eficiente essas bactérias requer métodos genotípicos, e a sequência do gene 16S rRNA provou ser uma estratégia eficaz para identificar cepas pouco descritas ou fenotipicamente atípicas, além de auxiliar na descoberta de novos patógenos ou bactérias ainda não cultivadas. Então, o objetivo principal do projeto foi criar um banco de dados biológico fundado exclusivamente em sequências do gene 16S rRNA, específico para bactérias promotoras do crescimento vegetal através de ferramentas de bioinformática. Para isso, utilizou-se um script feito no laboratório de bioinformática, assim como o banco de dados Silva database, que oferece uma base ampla e acessível de sequências do gene 16S rRNA para análises taxonômicas e filogenéticas. Também foi usado o banco de dados biológicos PLaBA-db (Plant-associated Bacteria Database), que reúne cepas de bactérias associadas a plantas, com informações genéticas, metabólicas e fenotípicas, especialmente voltadas a PGPR, porém baseadas na proteína tailocina. Após a execução do script de comparação, foram detectados 5.564 nomes de bactérias no PLaBA-db e suas correspondentes sequências 16S rRNA no banco de dados Silva Database presentes em ambos os bancos, criando o novo banco de dados. Assim, o banco resultante pode servir na identificação de bactérias PGPR a partir do sequenciamento do gene 16S rRNA.

Agradecimentos: CNPq, FUNDECT, CAPES e UFGD

Palavras-chave: pgpr; bioinformática; 16s rRNA.