



DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE GENES ASOCIADOS AL BIOCONTROL EN *Bacillus altitudinis* T5S-T4



GAUNA, SABRINA S* BRITEZ, GONZALO; AMERIO, NATALIA S.; CORTESE, ILIANA J.; CASTRILLO, MARÍA L.

UNIVERSIDAD NACIONAL DE MISIONES, FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, QUÍMICAS Y NATURALES, INSTITUTO DE BIOTECNOLOGÍA MISIONES "DRA. MARÍA EBE RECA" (INBIOMIS), LABORATORIO DE BIOTECNOLOGÍA, MOLECULAR. BCONSEJO NACIONAL DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TÉCNICAS (CONICET)

(*) sgauna66@gmail.com

INTRODUCCIÓN

El uso de productos químicos en la agricultura puede dañar el suelo y reducir la calidad de los cultivos, lo que ha impulsado la adopción de agentes biocontroladores como las bacterias del género *Bacillus*. Estas bacterias actúan a través de mecanismos como la resistencia sistémica inducida (ISR), la producción de sideróforos y la liberación de compuestos volátiles y difusibles. Las tecnologías ómicas, como la genómica y proteómica, permiten una comprensión profunda para identificar y caracterizar genes de interés biológico y tecnológico, desarrollar marcadores moleculares, analizar la diversidad genética y aplicar promotores génicos en el control de la síntesis de enzimas específicas.

OBJETIVO

Detectar y caracterizar genes asociados al biocontrol a través de la producción de compuestos volátiles y difusibles en el genoma de *Bacillus altitudinis* T5S-T4.

METODOLOGÍA

A partir del genoma secuenciado de *B. altitudinis* T5S-T4 se realizó la búsqueda de secuencias génicas utilizando el software Geneious v. 11.0.1. que en conjunto con las secuencias de genes asociados al biocontrol del genoma de referencia *B. altitudinis* GQYP101 (NZ_CP040514.1) se realizaron alineaciones múltiples utilizando el programa Clustal Omega. Esto permitió generar secuencias consenso de alrededor de 300 pb para cada gen identificado, que fueron utilizadas como referencia para el mapeo. Las secuencias obtenidas fueron contrastadas con las bases de datos de secuencias nucleotídicas y proteicas a través de *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), empleando BLASTn y BLASTx. Y se evaluó la integridad de las regiones estructurales utilizando las herramientas RAST y PROKKA

RESULTADOS

Se detectaron 12 secuencias génicas relacionadas al biocontrol que se encuentran en la siguiente tabla, que fueron reportadas en la base de datos del NCBI a través de BankIt.

Nombre de secuencia	Metabolito	Tamaño (pb)	Dirección de secuencia	Código de acceso
<i>phzF</i>	Síntesis de fenazinas	897	Sentido	OR767313
Squalene	Escualeno/fitoeno	840	Sentido	OR767314
2,3 butanediol dehydrogenase	2,3 butanediol deshidrogenasa	1041	Antisentido	OR921049
<i>acu</i>	Proteína de utilización de acetoína	1161	Sentido	OR921050
<i>als</i>	acetolactato sintasa	1701	Sentido	OR921051
<i>ubiE</i>	Biosíntesis de ubiquinona/menaquinona C-metiltransferasa <i>UbiE</i>	705	Antisentido	OR921052
<i>feuC</i>	Transportador ABC para los sideróforos enterobactina y bacilibactina <i>FeuC</i>	1017	Antisentido	OR921053
<i>bacB</i>	bacilisina	708	Sentido	OR921054
<i>bceB</i>	Proteína permeasa exportadora de bacitracina <i>BceB</i> [<i>Bacillus altitudinis</i> T5ST4]	1938	Sentido	OR921055
<i>bceA</i>	Exportación de bacitracina, proteína de unión a ATP <i>BceA</i> [<i>Bacillus altitudinis</i> T5ST4]	762	Sentido	OR921056
<i>bceS</i>	Sensor de histidina quinasa de dos componentes <i>BceS</i> [<i>Bacillus altitudinis</i> T5ST4]	1005	Sentido	OR921057
<i>bceR</i>	Regulador de respuesta de dos componentes <i>BceR</i> [<i>Bacillus altitudinis</i> T5ST4]	702	Sentido	OR921058

CONCLUSIONES

Nuestros hallazgos destacan la importancia de la investigación genómica en microorganismos de interés fitosanitario. Esta investigación es crucial tanto para la selección de cepas con potencial para secretar metabolitos efectivos en el manejo de fitopatógenos como para mejorar el control fitosanitario en la agricultura.