

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E AMBIENTAIS
CURSO DE GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

Kauanny Wictoria Plenz

Potencial biotecnológico do *Bacillus velezensis* MT7 isolado de solo amazônico

DOURADOS, MS

2025

Kauanny Wictoria Plenz

Potencial biotecnológico do *Bacillus velezensis* MT7 isolado de solo amazônico

Trabalho de conclusão de curso apresentado como parte dos requisitos para obtenção do título de Bacharel em Biotecnologia no Curso de Graduação em Biotecnologia pela Universidade Federal da Grande Dourados.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Matheus Pereira.

DOURADOS, MS

2025

P725p Plenz, Kauanny Wictória

Potencial biotecnológico do *Bacillus velezensis* MT7 isolado de solo amazônico [recurso eletrônico] / Kauanny Wictória Plenz. -- 2025.

Arquivo em formato pdf.

Orientador: Rodrigo Matheus Pereira.

TCC (Graduação em Biotecnologia)-Universidade Federal da Grande Dourados, 2025.

Disponível no Repositório Institucional da UFGD em:

<https://portal.ufgd.edu.br/setor/biblioteca/repositorio>

1. Bactéria. 2. Bioprospecção. 3. Bioinsumos. 4. Metabólitos secundários. 5. Bioinformática. I. Pereira, Rodrigo Matheus. II. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.

Kauanny Wictoria Plenz

Potencial biotecnológico do *Bacillus velezensis* MT7 isolado de solo amazônico

Trabalho de Conclusão de Curso aprovado pela Banca Examinadora como requisito parcial para obtenção do título de Biotecnologia da Universidade Federal da Grande Dourados.

Orientador: Rodrigo Matheus Pereira

Aprovado em: 28 de novembro de 2025

BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente
 **RODRIGO MATHEUS PEREIRA**
Data: 01/12/2025 11:51:03-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Rodrigo Matheus Pereira
Presidente

Documento assinado digitalmente
 **MARICY RAQUEL LINDENBAH BONFA**
Data: 09/12/2025 09:16:24-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profª. Dra. Maricy Raquel Lindenbah Bonfá
Membro

Documento assinado digitalmente
 **MILENA SERENATO KLEPA**
Data: 01/12/2025 10:44:01-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. Milena Serenato Klepa
Membro

AGRADECIMENTOS

Em primeiro, eu agradeço a Deus, minha fortaleza e guia em todos os passos desta caminhada. Agradeço pela graça concedida diariamente e pelo discernimento para seguir adiante mesmo em frente aos maiores desafios. Nada disso teria sido possível sem sua presença constante, que me sustentou e me mostrou que os sonhos são alcançáveis quando confiamos plenamente.

À minha família, meu alicerce e motivo de tudo que sou. À minha mãe, Laiane, pelo amor incondicional, pela dedicação incansável e por cada palavra de incentivo que me ajudou a não desistir. Ao meu pai, Elizeu, pelo apoio, conselhos e pela força que sempre me inspirou. Ao meu irmão, Wictor, e à minha irmã, Ana Liz, que, com seus gestos simples, me lembram diariamente da importância da união e do laço que nos mantém fortes. Aos meus avós, que sempre lembram de mim em suas orações. Cada um de vocês é parte essencial desta conquista.

Aos meus amigos, que estiveram presentes nos dias bons e principalmente nos difíceis. Larissa, Lucas, Williams, Camila, Gabriela, Fabrício, João, e tantos outros que marcaram esta trajetória: obrigada por cada conversa, cada palavra de conforto, cada risada compartilhada e pelo apoio que aliviaram o peso do caminho. Vocês tornaram a rotina mais leve e sempre celebraram comigo cada pequena vitória. A amizade de vocês foi um dos melhores presentes que conquistei ao longo desta jornada.

Ao meu orientador, Prof. Rodrigo Matheus, expresso minha profunda gratidão pela paciência, dedicação e confiança depositada no meu trabalho. Sua orientação sensível e rigorosa foi fundamental para meu crescimento acadêmico e pessoal. Estendo também minha gratidão às professoras Maricy Raquel, Liliam Cândido e Cláudia Damiani, que contribuíram não apenas com conhecimento, mas com acolhimento, apoio e inspiração.

À Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), expresso meus sinceros agradecimentos por proporcionar uma formação acadêmica de excelência e por oferecer a estrutura necessária ao desenvolvimento deste trabalho. Ao CNPq e à Fundect, registro minha profunda gratidão pelo apoio institucional, científico e financeiro, que se mostraram essenciais para a execução desta pesquisa.

RESUMO

O solo é um dos ambientes mais ricos em biodiversidade microbiana, e que sendo assim bioprospectar microrganismos do solo amazônico com potencial biotecnológico é uma estratégia interessante, visto que a maior parte desta diversidade microbiana é desconhecida. O objetivo deste trabalho foi isolar, identificar e caracterizar uma bactéria de interesse biotecnológico a partir de amostras de solo amazônico, analisando genes associados à promoção de crescimento vegetal, síntese de compostos bioativos, metabolismo secundário, elementos genéticos móveis e genes de resistência. Amostras de solo foram coletadas em área de mata nativa amazônica, e o isolado MT7 foi purificado, caracterizado morfolologicamente, bioquimicamente e submetido ao sequenciamento completo do genoma por sequenciador Illumina®. Para analisar o genoma, ferramentas de bioinformática foram usados nas seguintes etapas: montagem usando o programa SPAdes, para a etapa de anotação foram usados os programas Bakta, Prokka e DFAST, por fim na análise funcional foram usados os programas MobileOG-db, CARD, CRISPRCasFinder e antiSMASH. Como resultados, foi identificado a bactéria *Bacillus velezensis* MT7, do tipo Gram-positiva, com morfologia de bastonetes, ocorrendo isoladamente, em pares e em cadeias curtas, além de apresentar caráter positivo para catalase. Em seu genoma foram identificados 3.798 genes codificadores de proteínas e alta similaridade com *Bacillus velezensis* FZB42, com variações na sintenia dos genes ortólogos. Foram detectados 107 elementos genéticos móveis e sete genes de resistência a antibióticos, além de múltiplos clusters de biossíntese de metabólitos secundários, incluindo surfactina e fengicina, associados à indução de resistência sistêmica em plantas. Adicionalmente, foram previstos genes relacionados à fixação e metabolismo do nitrogênio, solubilização de fósforo e assimilação de potássio, evidenciando potencial para biofertilização. Bactérias do gênero *Bacillus* possuem elevado potencial biotecnológico, sendo capazes de promover o crescimento vegetal, sintetizar metabólitos em condições reais de cultivo, visando consolidar sua eficácia e promover inovações em agricultura sustentável e biotecnologia.

Palavras-chave: Bactéria; Bioprospecção; Bioinsumos; Metabólitos secundários; Bioinformática.

ABSTRACT

Soil is one of the richest environments in terms of microbial biodiversity, and therefore bioprospecting microorganisms from Amazonian soil with biotechnological potential is an interesting strategy, given that most of this microbial diversity is unknown. The objective of this study was to isolate, identify, and characterize a bacterium of biotechnological interest from Amazonian soil samples, analyzing genes associated with plant growth promotion, synthesis of bioactive compounds, secondary metabolism, mobile genetic elements, and resistance genes. Soil samples were collected in an area of native Amazonian forest, and isolate MT7 was purified, characterized morphologically and biochemically, and subjected to complete genome sequencing by Illumina® sequencer. To analyze the genome, bioinformatics tools were used in the following steps: assembly using the SPAdes program, for the annotation step, the Bakta, Prokka, and DFAST programs were used, and finally, for the functional analysis, the MobileOG-db, CARD, CRISPRCasFinder, and antiSMASH programs were used. As a result, the Gram-positive bacterium *Bacillus velezensis* MT7 was identified, with rod morphology, occurring singly, in pairs, and in short chains, in addition to being catalase-positive. In its genome, 3,798 protein-coding genes were identified, showing high similarity to *Bacillus velezensis* FZB42, with variations in the synteny of orthologous genes. One hundred and seven mobile genetic elements and seven antibiotic resistance genes were detected, in addition to multiple clusters of secondary metabolite biosynthesis, including surfactin and fengicin, associated with the induction of systemic resistance in plants. In addition, genes related to nitrogen fixation and metabolism, phosphorus solubilization, and potassium assimilation were predicted, evidencing potential for biofertilization. Bacteria of the genus *Bacillus* have high biotechnological potential, being capable of promoting plant growth and synthesizing metabolites under real cultivation conditions, with a view to consolidating their effectiveness and promoting innovations in sustainable agriculture and biotechnology.

Keywords: Bacteria; Bioprospecting; Bio-inputs; Secondary metabolites; Bioinformatics.

LISTA DE FIGURAS

Figura 01. Visão geral do fluxo de trabalho de anotação Bakta.

Figura 02. Pipeline de anotação utilizando Prokka.

Figura 03. Fluxo de trabalho de anotação DFAST.

Figura 04. Fluxo da metodologia desenvolvida no presente trabalho.

Figura 05. Georreferenciamento dos pontos de coleta na região amazônica.

Figura 06. *Bacillus velezensis* MT7 sob luz UV do fotodocumentador.

Figura 07. Aspecto colonial e perfil morfológico de *Bacillus velezensis* MT7.

Figura 08. Mapa circular de anotação do Bakta produzido pelo Proksee. O anel mais externo (fita direta) e interno (fita reversa), coloridos, exibem as informações relativas à anotação do Bakta sob os contigs montados (cor cinza claro e escuro).

Figura 09. Mapa circular de anotação do Prokka produzido pelo Proksee. O anel mais externo (fita direta) e interno (fita reversa), coloridos, exibem as informações relativas à anotação do Prokka sob os contigs montados (cor cinza claro e escuro).

Figura 10. Blast entre o genoma montado MT7 e o genoma de referência FZB42.

Figura 11. Visualização detalhada da análise de sintenia entre o genoma montado do *Bacillus velezensis* MT7 (reference) e o *Bacillus velezensis* FZB42 (Query). Cada segmento de linha vermelha denota um mapeamento recíproco entre a consulta e o genoma de referência, indicando suas regiões evolutivas conservadas.

Figura 12. Mapa do conteúdo de GC e inclinação de GC no genoma do *B. velezensis* MT7.

Figura 13. Mapa dos elementos genéticos móveis encontrados pelo MobileOG-db.

Figura 14. Quantidade de elementos genéticos móveis encontrados pelo MobileOG-db.

LISTA DE TABELAS

Tabela 01. Composição do meio MMG para o preparo de 1 litro.

Tabela 02. Descrição da caracterização morfológica, bioquímica e colônias fluorescentes das bactérias isoladas.

Tabela 03. Estatística básica fornecida pelo programa FastQC das sequências forward e reverse antes e após o controle de qualidade.

Tabela 04. Avaliação da qualidade de montagem do genoma pelos montadores SPAdes e Shovill (SPAdes, Megahit e Skesa) feitas no programa Quast.

Tabela 05. Determinação de espécie do isolado MT7 pelo programa DFAST

Tabela 06. Comparação dos resultados obtidos entre os anotadores Bakta, Prokka e Dfast.

Tabela 07. Identificação e reclassificação das proteínas hipotéticas encontradas da anotação do Bakta utilizando os anotadores Prokka e Dfast.

Tabela 08. Relação dos elementos genéticos móveis encontrados no *B. velezensis* MT7.

Tabela 09. Relatório de Identificação de Genes de Resistência CARD.

Tabela 10. Caracterização dos elementos móveis CRISPR do *B. velezensis* MT7.

Tabela 11. Clusters de genes biossintéticos encontrados no *Bacillus velezensis* MT7.

Tabela 12. Genes detectados no genoma de *B. velezensis* MT7 envolvidos na atividade promotora do crescimento de plantas.

LISTA DE ABREVIATURAS

VOCs - Compostos orgânicos voláteis.

CRISPR - Repetições palindrômicas curtas agrupadas regularmente interespçadas.

ANI - Identidade Média de Nucleotídeos.

MGEs - Elementos genéticos móveis bacterianos.

ARGs - Genes de resistência a antibióticos.

ISR - Resistência sistêmica induzida pela planta.

AIA - Ácido indol-3-acético.

PHA - Polihidroxialcanoato

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
2 OBJETIVOS	15
2.1 Objetivo principal	15
2.2 Objetivos específicos	15
3 REFERENCIAL TEÓRICO	15
3.1 Biopolímeros	15
3.2 PHAs	17
3.3 <i>Bacillus velezensis</i>	18
3.4 Bioinformática	21
4 MATERIAL E MÉTODOS	25
4.1 Coleta e amostragem	26
4.2 Triagem: Cultivo e isolamento	27
4.3 Caracterização morfológica e bioquímica	27
4.4 Extração de DNA	28
4.5 Sequenciamento: análise qualitativa e quantitativa	28
4.6 Montagem do genoma	28
4.7 Panorama gênico: Análise estrutural e funcional do genoma	29
4.7.1 Predição e anotação de genes: Bakta, Prokka e DFAST	29
4.7.2 Identificação da espécie	29
4.7.3 Conteúdo e inclinação de GC	30
4.7.4 Identificação de elementos genéticos móveis bacterianos	30
4.7.5 Anotação dos resistomas presentes no genoma	31
4.7.6 Detecção e tipagem de proteínas Cas	31
4.7.7 Identificação de metabólitos secundários	31
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
5.1 Propriedades Básicas do Solo	31
5.2 Perfil bacteriano dos isolados	32
5.3 Quantificação da amostra de DNA	32
5.4 Dados brutos e controle de qualidade	33
5.5 Montagem da sequência genômica	34
5.6 Recursos genômicos e anotações	35
5.6.1 Identificação taxonômica e perfil microbiano	35
5.6.2 Análise comparativa das anotações	39
5.6.3 Análise da distribuição de guaninas e citosinas	50
5.7 Caracterização genômica: Análise de genes interesse biotecnológico	51
5.7.1 Ausência de genes associados à síntese de PHA	51

5.7.2	Elementos genéticos relacionados a evolução (elementos genéticos móveis), adaptabilidade (resistência a antibióticos) e defesa (CRISPR)	51
5.7.3	Predição de genes biossintéticos para metabólitos secundários	58
5.7.4	Base genética para a atividade promotora do crescimento vegetal.....	59
6	CONCLUSÃO	63
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64
	APÊNDICE.....	75

1 INTRODUÇÃO

A floresta Amazônica é a maior floresta tropical úmida do mundo, sendo uma importante fonte de biodiversidade. Destacam-se diversos estudos sobre bioprospecção na microbiota do solo amazônico, principalmente de microrganismos com potenciais biotecnológicos (De Oliveira *et al.*, 2025). Os microrganismos do solo exercem funções fundamentais nos ecossistemas subterrâneos e superficiais, atuando na formação e estabilização de agregados do solo, no armazenamento de carbono, na decomposição da matéria orgânica e na ciclagem de nutrientes, sendo processos que sustentam a fertilidade do solo e influenciam de forma decisiva o crescimento e a saúde das plantas (Fierer *et al.*, 2021).

Com base nessas características, algumas cepas de *Bacillus* podem ser utilizadas para o desenvolvimento de produtos biotecnológicos como inoculantes, biofertilizantes e agentes de controle biológico, especialmente contra fungos. Por exemplo, a espécie *Bacillus velezensis*, é uma bactéria valiosa que apresenta amplo potencial de aplicação agrícola, biotecnológico e ambiental, atuando na promoção do crescimento vegetal, na inibição de fitopatógenos, nos efeitos probióticos para alimentação animal, além de ser capaz de produzir biopolímeros, compostos antimicrobianos, medicamentos anticancerígenos e biossurfactantes, bem como degradar subprodutos agroindustriais (Adeniji *et al.*, 2019; Khalid *et al.*, 2021; Keshmirshekan *et al.*, 2024).

Análises funcionais realizadas nos genomas de diversas cepas de *B. velezensis* exibem genes e metabólitos capazes de suprimir patógenos de plantas e promover o crescimento de plantas por meio de vários mecanismos, como síntese de compostos antimicrobianos, solubilização de fosfato, fixação de nitrogênio e modulação de fitohormônios (Mallya *et al.*, 2025). Pode-se observar outras características genômicas, como as apresentadas pelo *B. velezensis* RVMD2, destacando-se sua adaptabilidade a ambientes extremos e seu potencial para aplicações bioprocessuais, incluindo biorremediação e a descoberta de novos metabólitos bioativos (Alnaimat *et al.*, 2025).

Este estudo buscou bioprospectar estirpes com potencial biotecnológico em solos da Amazônia, Brasil, através da identificação, caracterização morfológica e bioquímica, sequenciamento genômico e análises de bioinformática

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo principal

Isolar, identificar e avaliar o potencial biotecnológico de uma bactéria a partir de amostras de solo amazônico.

2.2 Objetivos específicos

- Isolar utilizando meio de cultivo mínimo contendo glicerol como fonte de carbono bactérias com potencial de produção de polihidroxialcanoatos;
- Caracterizar através de análises morfológicas e bioquímicas as bactérias isoladas;
- Selecionar uma cepa com características promissoras para aplicações biotecnológicas;
- A partir do DNA extraído e sequenciado identificar a bactéria;
- Identificar e caracterizar genes associados à promoção de crescimento vegetal, metabolismo secundário e síntese de compostos bioativos na bactéria selecionada;
- Analisar comparativamente os genomas de cepas relacionadas para investigar conservação/diferenças funcionais;
- Investigar a presença, ausência e distribuição de fatores de risco, como genes de resistência aos antibióticos.

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Biopolímeros

A produção e o consumo massivo de polímeros de origem petroquímica, como o polietileno, tem provocado impactos ambientais significativos devido à dependência de recursos fósseis e à elevadas persistência desses materiais no ambiente. A degradação lenta e incompleta dos polímeros sintéticos favorece seu acúmulo em diferentes ecossistemas, contribuindo para a poluição do solo, da água e do ar. À medida que se fragmentam, esses resíduos originam microplásticos, já amplamente detectados em ambientes marinhos e associados a danos à biodiversidade e potenciais riscos à saúde humana (Alfaro-Nunes *et al.*,

2021; El-Rayes *et al.*, 2023). Estima-se que, caso o ritmo atual de produção seja mantido, o volume global de plásticos poderá atingir cerca de 12 bilhões de toneladas até 2050, sendo os materiais descartáveis os principais responsáveis por esse aumento, dada sua curta vida útil e imediata geração de resíduos (Geyer *et al.*, 2017; Oberoi; Garg, 2021).

Diante desse cenário crítico, cresce o interesse por materiais alternativos obtidos a partir de fontes renováveis. Os biopolímeros, produzidos parcialmente ou totalmente a partir de biomassa vegetal, animal ou microbiana, surgindo como alternativas promissoras por aliarem funcionalidade industrial à menor agressão ambiental (Bastos, 2007; Abang *et al.*, 2023). Esses materiais são constituídos por monômeros naturais, como açúcares, aminoácidos ou nucleotídeos, e sua formação ocorre em ciclos muito mais rápidos que os milhões de anos necessários para a formação de recursos fósseis (Morales-Jiménez *et al.*, 2023). Além disso, sua degradação sob condições ambientais apropriadas reduz a geração de resíduos tóxicos, ampliando seu potencial de aplicação em setores como embalagens, agricultura, medicina e engenharia de materiais (Polman *et al.*, 2021; Baranwal *et al.*, 2022; Flórez; Cazón; Vásquez, 2023).

Entre os biopolímeros de maior relevância, encontram-se o ácido polilático (PLA) e os polihidroxialcanoatos (PHAs). O PLA, produzido por rotas químicas ou fermentativas a partir de fontes como milho, amido e cana-de-açúcar, apresenta boas propriedades mecânicas e adequação ao processamento industrial. Contudo, sua degradação em ambientes naturais ainda é lenta, o que move estudos voltados a otimização de sua biodegradabilidade e ampliação de aplicações (Guicherd *et al.*, 2024; Shalem *et al.*, 2024). Os PHAs, sintetizados por bactérias, são considerados uma das classes mais promissoras devido à elevada biodegradabilidade e semelhança estrutural com polímeros petroquímicos, permitindo sua aplicação em embalagens, filmes, utensílios e insumos biomédicos (Ramezani Dana; Ebrahimi, 2023; Kim *et al.*, 2023).

A crescente adoção de materiais sustentáveis está diretamente relacionada às pressões e políticas internacionais. A ONU alertou, durante a conferência sobre Mudanças climáticas em 2021, que os planos de exploração de combustíveis fósseis até 2023 são incompatíveis com as metas climáticas do Acordo de Paris, reforçando a necessidade de substituir gradualmente materiais derivados de petróleo por alternativas renováveis (Xie *et al.*, 2023). Nesse contexto, os biopolímeros ganham protagonismo por reduzir a dependência de recursos fósseis, contribuir para mitigação de emissões e atender à crescente demanda por materiais de menor impacto ambiental.

Os desafios atuais consistem em um alto custo de produção, superior ao dos polímeros petroquímicos, devido aos processos fermentativos complexos, limitação de escala e

necessidade de insumos de qualidade (Rahman; Khatun; Hoque, 2023). Entretanto, à medida que a demanda global se expande e novas tecnologias de processamento e cultivo microbiano se consolidam, espera-se que os custos diminuam e os biopolímeros se tornem economicamente competitivos, fortalecendo uma transição industrial mais sustentável.

3.2 PHAs

Os polihidroxialcanoatos (PHA) têm ganhado destaque como alternativa sustentável diante dos danos ambientais associados ao acúmulo de resíduos plásticos convencionais. Os PHA constituem um grupo de poliésteres de origem microbiana, produzidos e armazenados no interior das células sob a forma de grânulos citoplasmáticos semitransparentes, que funcionam como reservas de carbono e energia. A produção desses biopolímeros tende a ser intensificada quando os microrganismos são submetidos a situações de estresse nutricional, caracterizadas pela deficiência de nutrientes essenciais, como nitrogênio, fósforo ou magnésio, combinada ao excesso de fontes de carbono. Nessas condições, ocorre uma reprogramação do metabolismo celular, direcionando preferencialmente para a síntese e acúmulo de polímero (Calero, 2014; Acharjee *et al.*, 2023; Obruča *et al.*, 2022).

Parâmetros ambientais, como temperatura e pH, também desempenham papel determinante tanto no rendimento quanto nas propriedades finais dos PHA. Estruturalmente, esses biopolímeros são formados por unidades repetitivas de ácidos hidroxialcanoicos, cujas variações no tamanho e na composição da cadeia determinam suas características físico-químicas. Entre os monômeros mais frequentes destaca-se o ácido 3-hidroxibutírico, com três a cinco átomos de carbono, responsável pela formação do polihidroxibutirato (PHB). Esse biopolímero apresenta desempenho mecânico e estabilidade térmica semelhantes aos do polipropileno (PP), um dos principais polímeros derivados do petróleo (Kumar *et al.*, 2021; Hachisuka *et al.*, 2023; Zheng *et al.*, 2023).

A produção de PHA geralmente ocorre por via fermentativa, utilizando distintas fontes de carbono, como glicose, glicerina, óleos vegetais ou ácidos graxos. O uso de substratos de menor custo tem se destacado como abordagem eficiente para reduzir os gastos associados ao processo produtivo (Trapé; López; Villar, 2024; Oyewole *et al.*, 2024). Além de avanços tecnológicos, fatores socioambientais, como regulamentações ambientais mais rígidas e maior conscientização da sociedade, têm impulsionado a expansão do mercado global de PHA. Estimativas projetam um crescimento significativo desse setor, prevendo-se que o valor de

mercado alcance aproximadamente US\$ 121 milhões em 2025, em comparação aos US\$ 62 milhões registrados em 2020, embora desafios relacionados à regulação e à escala de produção ainda persistam (BusinessWire, 2021; Nanda *et al.*, 2022).

Devido à sua versatilidade, os PHA têm sido amplamente explorados na engenharia de materiais, principalmente na fabricação de embalagens biodegradáveis e funcionais, incluindo copos, canudos e filmes para acondicionamento de alimentos, contribuindo para a conservação da qualidade e para a inibição do crescimento microbiano. No campo biomédico, são empregados na elaboração de curativos, dispositivos implantáveis e sistemas de liberação controlada de medicamentos, atribuídos a sua biocompatibilidade e ausência de toxicidade (Getachew; Woldeesenbet, 2016; Koller; Mukherjee, 2022; Park *et al.*, 2024). Com isso, os PHA se configuram como elementos chave para a consolidação de uma economia circular, favorecendo a redução da dependência de derivados de petróleo, a mitigação das emissões de gases de efeito estufa e o avanço de práticas ambientalmente sustentáveis (Abdul Khalil *et al.*, 2023; Habitzreuter *et al.*, 2023).

3.3 *Bacillus velezensis*

Dentre os grupos mais estudados pela biotecnologia, o gênero *Bacillus* destaca-se por sua notável habilidade de secretar proteínas extracelulares em grandes quantidades, característica que favorece sua aplicação industrial na produção de enzimas e metabólitos bioativos. Espécies desse gênero também são reconhecidas por sintetizar biopolímeros biodegradáveis e por manter sua estabilidade metabólica em faixas amplas de pH e temperatura (Su *et al.*, 2020; Pan *et al.*, 2023; Vojnovic *et al.*, 2024). O gênero *Bacillus* contém espécies de bactérias Gram-positivas, em forma de bastonete, formadoras de esporos e aeróbicas facultativas que ocorrem em diversos ambientes naturais e antropogênicos, com relevância ambiental, biotecnológica e médica (Sousa *et al.*, 2025).

Recentemente, grande atenção tem sido dada a várias cepas de *B. velezensis*, inicialmente descrita por Ruiz-García e colaboradores em 2005, que nomeou o adjetivo masculino velezensis por ter sido isolado pela primeira vez do rio Vélez em Málaga, sul da Espanha. Nos últimos anos, o *B. velezensis* ganhou popularidade como um potencial agente de biocontrole em muitos países. Vários produtos de biocontrole à base de *B. velezensis*, previamente identificados como *B. amyloliquefaciens* ou *B. amyloliquefaciens subsp.*

plantarum, receberam aprovação comercial, principalmente na China e na Europa (Rabbee *et al.*, 2023).

Bacillus velezensis possui características particulares como o crescimento dentro da faixa de temperatura de 15 a 45 °C e em valores de pH entre 5 e 10; a espécie é quimio-organotrófica, produtora de catalase e oxidase e seu metabolismo é respiratório, com oxigênio como aceptor terminal de elétrons, não sendo capaz de crescer em anaerobiose na presença de nitrato ou fumarato (Ruiz-García *et al.*, 2005). A espécie é suscetível à amoxicilina (25 µg), amoxicilina/ácido clavulânico (30 µg), cefalotina (30 µg), cloranfenicol (30 µg), colistina (10 µg), doxiciclina (30 µg), eritromicina (15 µg), canamicina (30 µg), ácido nalidíxico (30 µg), nitrofurantoína (300 µg), norfloxacin (5 µg), novobiocina (30 µg), rifampicina (30 µg), trimetoprima/sulfametoxazol (1,25/23,75 µg) e vancomicina (30 µg) (Ruiz-García *et al.*, 2005).

Esta espécie produz uma ampla variedade de metabólitos secundários bioativos, como antibióticos. Esses metabólitos secundários compreendem principalmente peptídeos não ribossômicos e policetídeos, sintetizados por peptídeos sintetases não ribossômicos (NRPS) e policetídeos sintases (PKS), respectivamente (Chowdhury *et al.*, 2015). Mais especificamente, *B. velezensis* exibe uma alta capacidade genética para sintetizar lipopeptídeos cíclicos (Surfactina, Bacilomicina D, Fengycina e Bacilictina) e policetídeos (Macrolactina, Bacilueno e Difficidina) (Cao *et al.*, 2018). Esses compostos antimicrobianos aumentam a tolerância ao estresse das culturas e suprimem fungos patogênicos, afetando positivamente a saúde das plantas (Bouteraa *et al.*, 2025). Estimula diretamente o desenvolvimento das plantas, facilitando a absorção de nutrientes, como a solubilização de fosfato (Wan *et al.*, 2020) e fixação de nitrogênio (García-Fraile *et al.*, 2015), produzindo ou regulando hormônios vegetais, como ácido idol acético (AIA) (Goswami *et al.*, 2016) e compostos orgânicos voláteis (VOCs), ativos que aumentam a resistência sistêmica induzida pela planta (ISR) (Grover *et al.*, 2021). Os VOCs produzidos por bactérias incluem álcoois, compostos carbonílicos, hidrocarbonetos, compostos aromáticos e compostos contendo enxofre e nitrogênio, todos os quais exibem uma ampla gama de diversidade estrutural (Weisskopf *et al.*, 2021).

Pesquisas significativas se concentraram na investigação do potencial bioativo de vários isolados de *B. velezensis*. Por exemplo, a cepa *B. velezensis* LT1 exibe atividade antifúngica contra o patógeno fúngico de plantas transmitido pelo solo *Sclerotium rolfsii* LC1, mediada pela secreção de lipopeptídeos (Tang *et al.*, 2024). Da mesma forma, as cepas 5YN8 e DSN012 de *B. velezensis* atuam como agentes de biocontrole contra *Botrytis cinerea*, um patógeno necrotrófico, que pode causar doenças graves do mofo cinzento das plantas na produção

agrícola. Essas cepas inibem o crescimento e a formação de esporos de *B. cinérea* secretando alguns metabólitos secundários ou liberando números de VOCs (Jiang *et al.*, 2018). Outra cepa como *B. velezensis* HNA3, tem características genéticas responsáveis pelas bioatividades e potencial aplicação como cepa promotora de crescimento de plantas na agricultura ecológica (Zaid *et al.*, 2022).

Nesse sentido foi possível analisar diferentes agentes de biocontrole à base de *B. velezensis* na agricultura, obtendo vários efeitos benéficos no crescimento e proteção das culturas, por exemplo, para gerenciar fitopatógenos, *B. velezensis* pode exercer fortes atividades de controle com base em suas altas atividades antimicrobianas com aspectos de rápido crescimento, o que pode ser crucial para sua aplicação na agricultura sustentável (Rabbee *et al.*, 2023). No entanto, essa bactéria também foi identificada como o agente causador de várias doenças de plantas. Em estudos anteriores, verificou-se ações prejudiciais de *B. velezensis* zk1 na fisiologia e metabolismo de pêssegos, danificando os seus cloroplastos, suas mitocôndrias, sua atividade da cadeia respiratória e seus sistemas enzimáticos de eliminação de radicais livres, interrompendo assim o metabolismo fisiológico normal dos pêssegos e causando apodrecimento (Zeng *et al.*, 2022). Portanto, é necessária uma abordagem mais cuidadosa antes de aplicá-lo como bioinsumo em culturas agrícolas.

Alguns efeitos benéficos podem ser vistos em culturas de importância global e brasileira, como os experimentos de campo com a inoculação do *B. velezensis* Ag75, aumentando a produtividade de milho e soja em 17,8 e 26,5%, respectivamente (Mosela *et al.*, 2022). A cepa Ag75 demonstra grande potencial para o desenvolvimento de um inoculante microbiano multifuncional que combina a capacidade de solubilizar fósforo, promover o crescimento das plantas e ser um agente de biocontrole para vários fungos fitopatogênicos (Mosela *et al.*, 2022).

Outro exemplo são as cepas bacterianas endofíticas de *B. velezensis* LGMB12, LGMB319 e LGMB426, no qual ensaios *in vitro* mostraram o potencial dessas cepas para solubilização de fósforo e produção de AIA, sideróforos e enzimas com atividades de amilase, celulase, pectinase e protease (Ercole *et al.*, 2021). As sementes de milho inoculadas com essas estirpes apresentaram um aumento significativo no crescimento da parte radicular (Ercole *et al.*, 2021; Ercole *et al.*, 2023) e a co-inoculação com a *Stenotrophomonas maltophilia* também foi capaz de mitigar o crescimento das plantas sob altas concentrações de sal (Ercole *et al.*, 2023).

3.4 Bioinformática

A bioinformática é um campo interdisciplinar que envolve principalmente biologia molecular, genética, ciência da computação, matemática e estatística. O principal objetivo são as análises de sequências, ou seja, a análise de sequências de DNA e proteínas em busca de pistas sobre a função e inclui subproblemas como identificação de homólogos, alinhamento de sequências múltiplas, busca de padrões de sequência e análises evolutivas (Yang *et al.*, 2020).

Uma parte da biologia computacional é a bioinformática funcional, que usa a enorme riqueza de dados brutos derivados de genômica, transcriptômica, proteômica, glicômica, lipidômica, metabolômica e outros experimentos "ômicos" em larga escala para decodificar as complexas funções e interações de genes e proteínas (Pushparaj, 2019). Na genômica funcional, os papéis dos genes são identificados usando tecnologias de alto rendimento, como as abordagens de *microarrays* e sequenciamento de nova geração (NGS) (Pushparaj, 2019).

Várias ferramentas computacionais são implantadas para decifrar informações biológicas complexas em diversos conjuntos de dados, estimulando a compreensão biológica precisa e hipóteses sobre funções gênicas, expressão de proteínas, interações e regulações. Nesse sentido, diversos estudos realizaram sequenciamento do genoma completo para decifrar a base genética da promoção do crescimento das plantas e as capacidades de biocontrole em várias cepas de *B. velezensis*. Esses estudos fornecem informações importantes sobre a capacidade do organismo de produzir compostos antimicrobianos, secreção enzimática e metabólitos secundários envolvidos no crescimento das plantas.

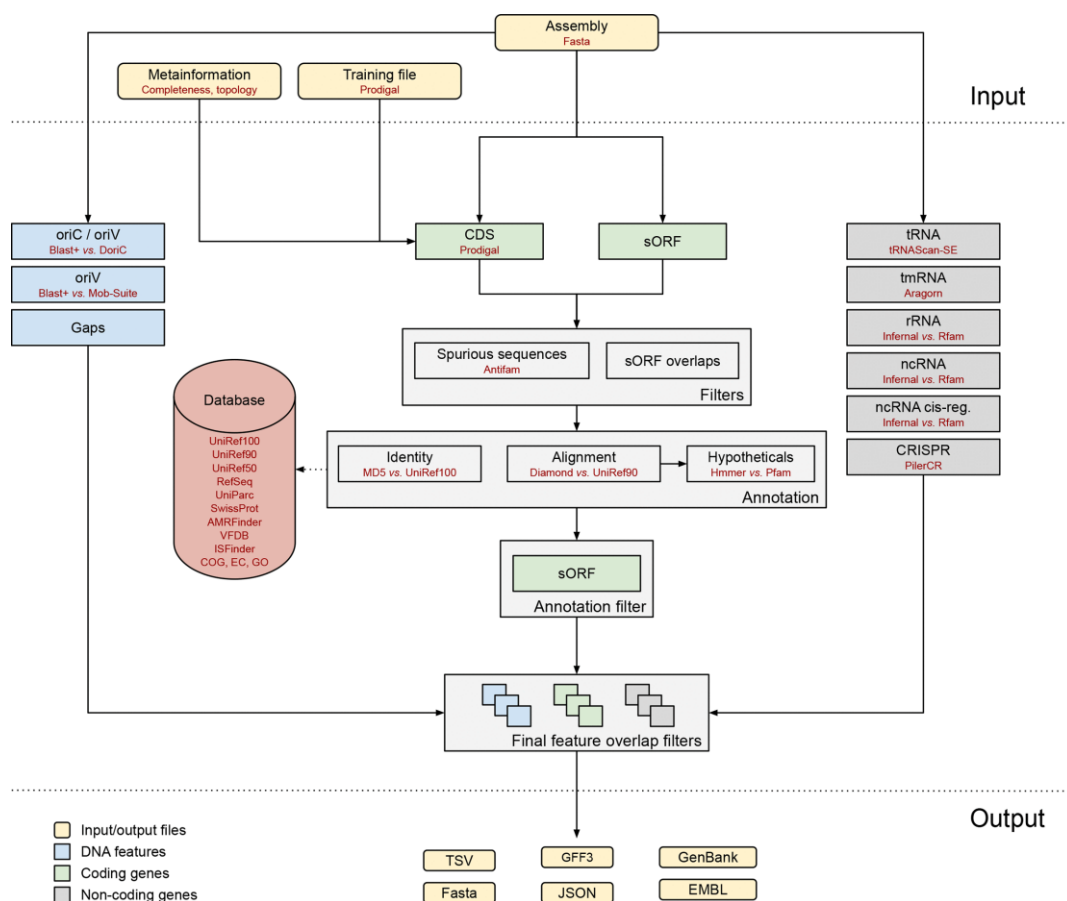
Dentre essas ferramentas, o Galaxy (<https://galaxyproject.org>) é implantado globalmente, com os serviços usegalaxy nos Estados Unidos, Austrália e Europa, no qual acumularam mais de 500.000 usuários registrados. Os usuários têm acesso a >9000 ferramentas científicas, suportando >400 tipos diferentes de dados de entrada, permitindo uma ampla variedade de análises nas ciências da vida e físicas, incluindo astronomia, genômica, proteômica, metabolômica, ciência dos materiais, imagens e citometria (The Galaxy Community, 2024). O fluxo de trabalho para análise genômica pode ser feita dentro do Galaxy, desde a limpeza dos dados brutos até a anotação funcional das sequências.

Outra ferramenta que abriga diversas funções para análise gênica dentro da sua plataforma baseada na web é o Proksee (Grant *et al.*, 2023). Esta ferramenta monta e anota genomas bacterianos e permite que as previsões de várias ferramentas de terceiros sejam visualizadas em um único mapa gráfico, sendo essa integração de ferramentas e visualização

que permite a descoberta de elementos do genoma de interesse, relacionados, por exemplo, a adaptações ou divergências que contribuem para propriedades importantes (Grant *et al.*, 2023).

Programas de anotação são imprescindíveis para compreender as funções das sequências de DNA ou proteínas. Por exemplo, o Bakta implementa um fluxo de trabalho (Fig. 01) abrangente capaz de utilizar metadados de sequência, além da montagem do genoma. Ele anota genes codificantes e não codificantes, matrizes CRISPR, lacunas, características *oriC* e *oriT* que são rigorosamente filtradas por informações de anotação e sobreposições (Schwengers *et al.*, 2021). Sua anotação de sequências de codificação é acelerada por meio de uma abordagem de identificação de sequência livre de alinhamento que, além disso, facilita a atribuição precisa de referências cruzadas de bancos de dados públicos (Schwengers *et al.*, 2021).

Figura 01. Visão geral do fluxo de trabalho de anotação Bakta.

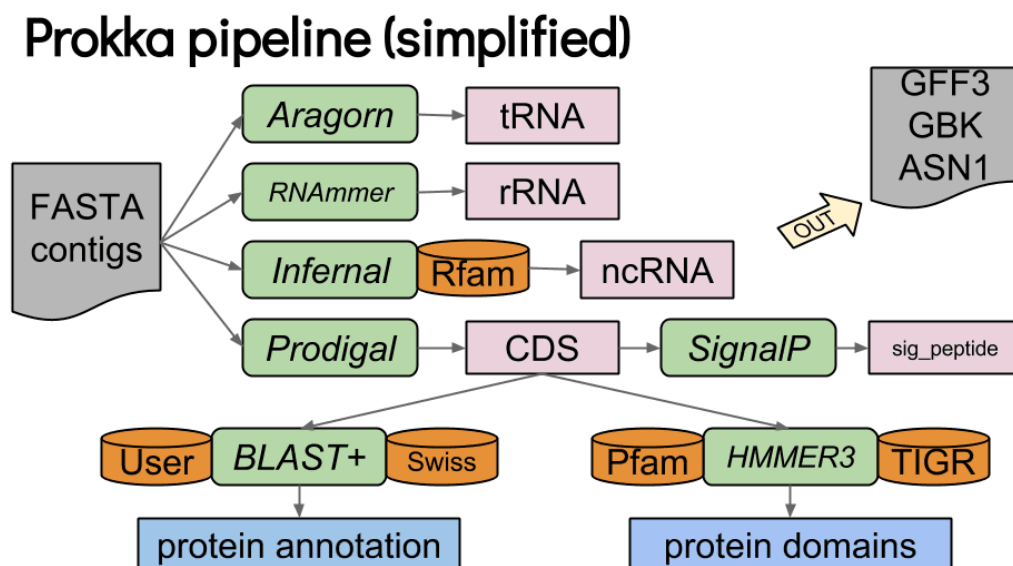


Fonte: (Schwengers *et al.*, 2021).

O segundo programa de anotação bastante utilizado é o Prokka, um pipeline (Fig. 02) que executa várias outras ferramentas para anotar genomas procarióticos, a entrada é a montagem do genoma no formato FASTA e o resultado final de todo o pipeline Prokka é um

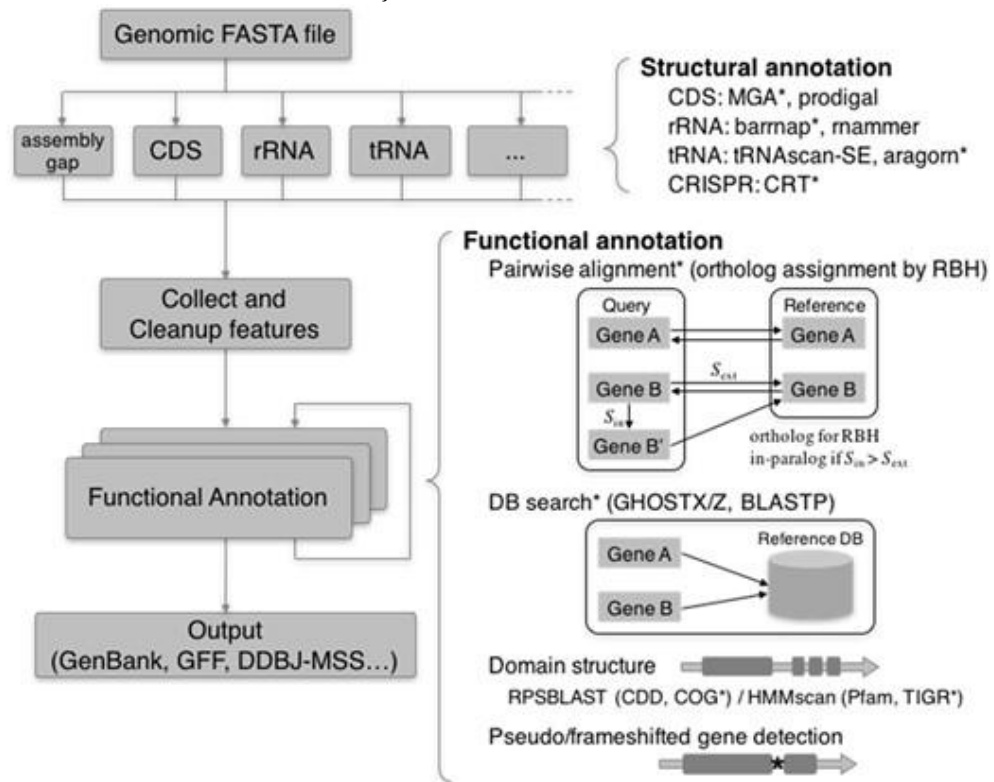
conjunto de arquivos GFF3, GBK e ASN1 (Syme *et al.*, 2025). O conjunto de ferramentas de software existentes para obter uma anotação rica e confiável de sequências bacterianas genômicas são: Prodigal (Hyatt *et al.*, 2010) - identifica sequência de codificação (CDS); RNAmmer (Lagesen *et al.*, 2007) - Genes de RNA ribossômico (rRNA); Aragorn (Laslett; Canback, 2004) - Genes de RNA de transferência; SignalP (Petersen *et al.*, 2011) - Peptídeos líderes de sinal; Infernal (Kolbe; Eddy, 2011) - RNA não codificante.

Figura 02. Fluxo de anotação utilizando Prokka.



Fonte: (Syme *et al.*, 2025).

O DFAST tem um pipeline (Fig. 03) de anotação do genoma procariótico, que também suporta o envio do genoma para bancos de dados públicos de sequências. O DFAST aceita um arquivo formatado em FASTA como uma entrada mínima necessária, e os usuários podem personalizar parâmetros, ferramentas e bancos de dados de referência fornecendo opções de linha de comando ou definindo um arquivo de configuração original (Tanizawa *et al.*, 2018). O fluxo de trabalho é composto principalmente por duas fases de anotação, ou seja, anotação estrutural para prever características biológicas, como CDSs, RNAs e CRISPRs, e anotação funcional para inferir funções proteicas de CDSs previstos (Tanizawa *et al.*, 2018).

Figura 03. Fluxo de trabalho de anotação DFAST.

Fonte: (Tanizawa *et al.*, 2018).

Algumas regiões gênicas de interesse são encontradas a partir da comparação com banco de dados que possuem curadoria, ferramentas específicas como MobileOG-DB rastreiam elementos genéticos móveis bacterianos (MGEs), que codificam módulos funcionais que executam funções centrais e acessórias para o elemento. O banco de dados mobileOG-db (para grupos ortólogos móveis), compreende mais de 700.000 sequências desduplicadas abrangendo cinco categorias principais de mobileOG e mais de 50 categorias menores, fornecendo uma linguagem estruturada e uma base interpretável para uma série de análises centradas em MGE (Brown *et al.*, 2022).

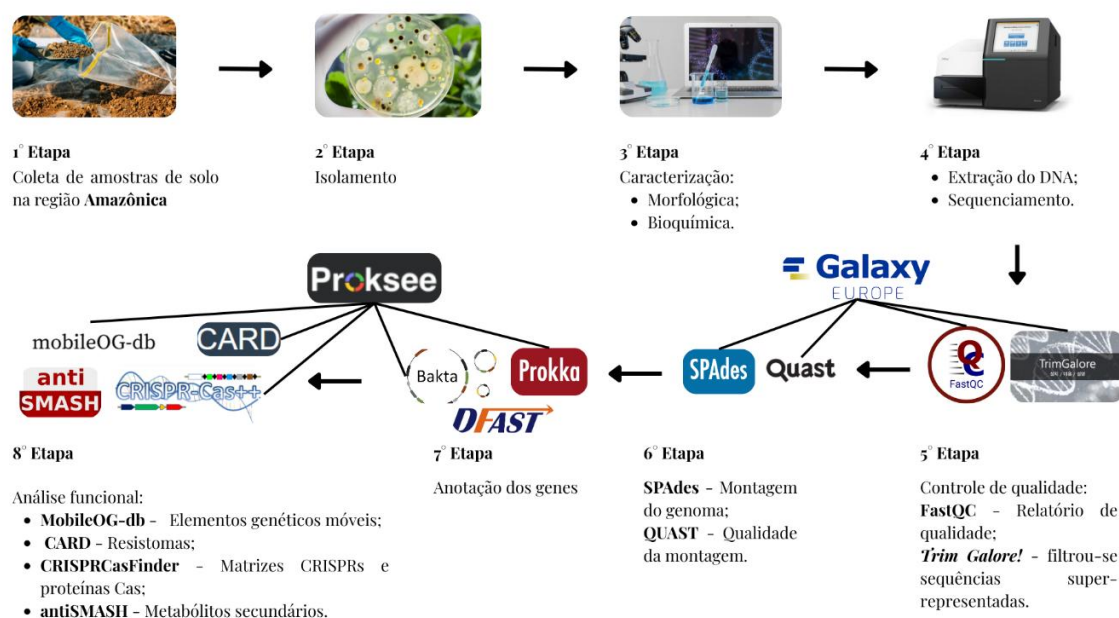
Outra curadoria expandida seria o CARD 2023, utilizado para previsão de resistomas no Banco de Dados Abrangente de Resistência a Antibióticos. Este banco combina a *Antibiotic Resistance Ontology* (ARO) com sequências de genes de resistência antimicrobiana bacteriana (ARG) selecionadas e mutações que conferem resistência para fornecer uma estrutura informática para anotação e interpretação de resistomas (Alcock *et al.*, 2023). A previsão *in silico* de resistomas e estatísticas de prevalência de genes de resistência a antibióticos ARGs foi expandida para 377 patógenos, 21.079 cromossomos, 2.662 ilhas genômicas, 41.828 plasmídeos e 155.606 conjuntos *shotgun* de genoma completo, resultando no agrupamento de 322.710 sequências únicas de alelos ARG (Alcock *et al.*, 2023).

Desde o desenvolvimento de tecnologias de edição de genoma baseadas em elementos dos sistemas CRISPR-Cas (Repetições palindrômicas curtas agrupadas regularmente interespçadas (CRISPR) e proteínas associadas (Cas) formam os sistemas CRISPR-Cas), fizeram com que essas entidades genômicas atraíssem muita atenção (Couvin, *et al.* 2018). O servidor web CRISPRCasFinder permite a identificação de matrizes CRISPR e proteínas Cas. O programa inclui: (i) uma ferramenta aprimorada de detecção de matriz CRISPR que facilita a validação de especialistas com base em um sistema de classificação, (ii) previsão da orientação CRISPR e (iii) uma ferramenta de detecção e tipagem de proteínas Cas atualizada para corresponder ao esquema de classificação mais recente desses sistemas (Couvin *et al.*, 2018). O CRISPRCasFinder pode ser usado online ou como uma ferramenta autônoma compatível com o sistema operacional Linux.

4 MATERIAL E MÉTODOS

O processo de bioprospecção desenvolvido neste trabalho envolveu múltiplas etapas integradas (Fig. 04), cada uma essencial para a avaliação detalhada das características morfológicas, bioquímicas e funcionais dos microrganismos. Esse conjunto de procedimentos permitiu investigar, de forma sistemática, isolados com potencial biotecnológico, ampliando a compreensão sobre seu desempenho e suas possíveis aplicações em diferentes áreas de interesse.

Figura 04. Fluxo da metodologia desenvolvida no presente trabalho.



Fonte: Autora, 2025.

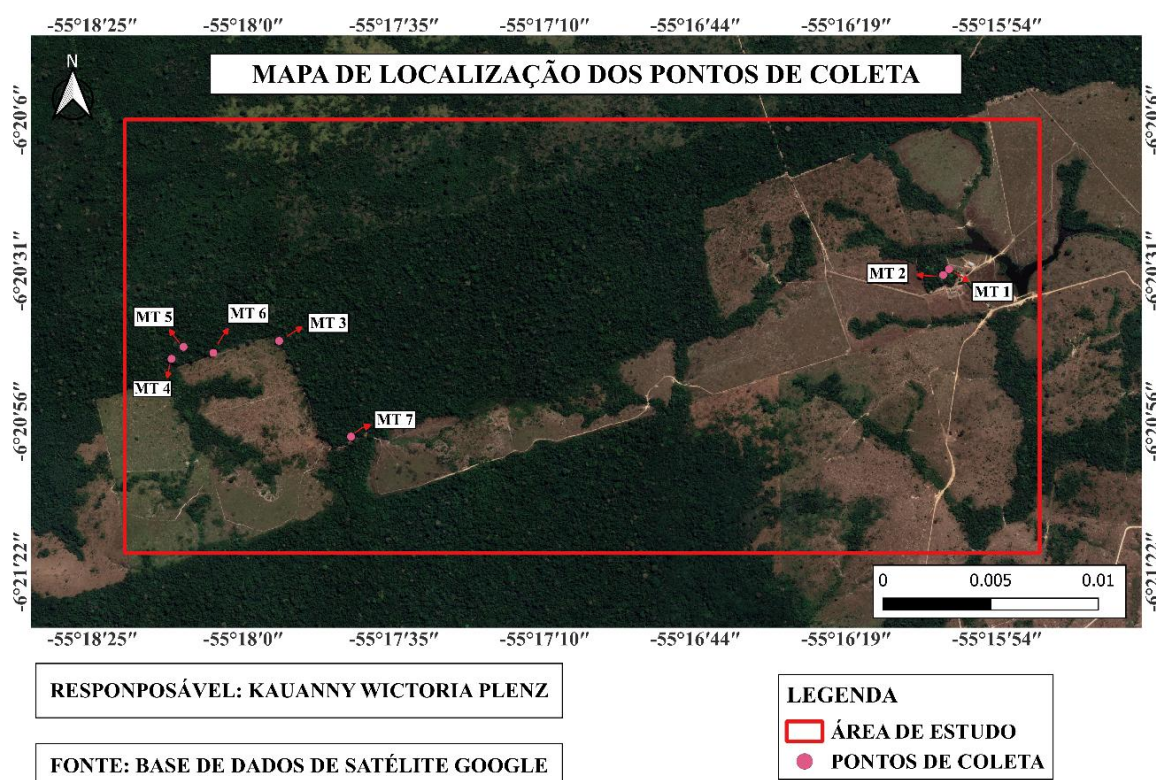
4.1 Coleta e amostragem

As amostras de solo foram coletadas de diferentes pontos de coleta de uma fazenda localizada no município de Itaituba-PA, situado na região amazônica. A área de estudo foi escolhida e identificada pelo seu tipo de manejo do solo, sendo de vegetação nativa. A figura 5 mostra a área de estudo dos 7 pontos coletados para a prospecção deste trabalho.

Para a coleta, limpou-se a superfície do solo de restos de vegetais e outras coberturas e coletou-se as amostras na profundidade de 15 a 20 cm, aproximadamente, logo em seguida foram colocadas em tubo Falcon estéril e identificadas quanto às suas coordenadas geográficas. Posteriormente, para a preservação das amostras, foram armazenadas em caixa térmica contendo blocos de gelox, mantendo-as resfriadas.

As amostras foram enviadas para o Laboratório de Biotecnologia Ambiental, do Centro de Pesquisa em Biotecnologia Agropecuária (Cp-BIOAGRO) localizado no prédio de pesquisa Centro de Laboratórios Finep (CLF) na Universidade Federal da Grande Dourados – UFGD (Dourados-MS), para a execução deste estudo. A composição do solo foi determinada pela análise básica e de micronutrientes no Laboratório de Solos da FCA-UFGD.

Figura 05. Georreferenciamento dos pontos de coleta na região amazônica.



Fonte: Autora, 2025.

4.2 Triagem: Cultivo e isolamento

Para a prospecção de bactérias produtoras do biopolímero poli-hidroxialcanoato (PHA), iniciou-se com a etapa de isolamento de microrganismos, pesando-se um total de 10 g de solo, sendo desdobrado em 1,42 g de cada um dos 7 pontos de coleta. Adicionou-se o solo no meio MMG (conforme descrito na tabela 1), utilizando a glicerina como fonte de carbono e fluconazol para inibição de crescimento fúngico. Em seguida, incubou-se no shaker na velocidade de rotação de 100 RPM por 1 semana na temperatura de 30°C (Negrett *et al.*, 2025.). Este meio teve como objetivo propiciar o crescimento de apenas bactérias com potencial para a produção de PHA's.

Posteriormente a incubação, aplicou-se a técnica de *Spread Plate*, na qual efetuou-se a diluição seriada até 10^{-4} e transferiu-se 100 μL das diluições na concentração 10^{-3} e 10^{-4} para as placas contendo o meio MMG, descrito acima acrescido do corante *Nile Red* (1 μL a cada mililitro). Após o crescimento, isolou-se e identificou-se bactérias que apresentaram colônias fluorescentes sob luz UV do transiluminador UVB (Loccus biotecnologia, modelo LTB-20x20 HE), em exposição de sensibilidade à 1.900 ms. Para a validação da fluorescência foi utilizada como controle positivo a bactéria *Cupriavidus necator* DSM 551. μL

Tabela 01. Composição do meio MMG para o preparo de 1 litro.

Componentes	Quantidade
Água deionizada	1000 mL
(NH ₄) ₂ SO ₄ (Sulfato de Amônio)	2,64 g
K ₂ HPO ₄ (Fosfato Dipotássio)	2,38 g
KH ₂ PO ₄ (Fosfato Monopotássio)	5,65 g
Glicerina	23,8 mL
Extrato de levedura	6,80 g
Ágar	20 g

4.3 Caracterização morfológica e bioquímica

Dentre as bactérias isoladas, foi feito o teste morfotintorial utilizando o conjunto de coloração de Gram da marca NewProv, para classificá-las em Gram-positivas e Gram-

negativas. Para a investigação bioquímica, foi conduzido o teste de atividade de catalase para bactérias Gram-positivas, previamente caracterizadas, aplicando-se peróxido de hidrogênio 3%, da mesma forma, para a atividade de oxidase em bactérias da classificação Gram-negativa, empregando tiras para reação de oxidase da marca Laborclin.

Para prosseguir com os experimentos, selecionou-se apenas uma bactéria, a qual apresentou maior brilho durante a visualização sob fluorescência.

4.4 Extração de DNA

Usando o *Biospin Omni Genomic DNA Extraction Kit* (BioFlux) seguiu-se a instruções do fabricante para extração de bactérias Gram-positivas. Foi extraído 90 µL de DNA da bactéria pré-selecionada com maior potencial de produção de PHA. O kit possui etapas como a lise de bactéria e a purificação do DNA, seu armazenamento foi feito na condição de temperatura a -20°C. Para avaliar a concentração, realizou-se uma análise quantitativa prévia do DNA extraído, utilizando o equipamento BioDrop Touch Duo, no qual projetou resultados em concentração de µg/ml.

4.5 Sequenciamento: análise qualitativa e quantitativa

A amostra de DNA foi enviada para o Laboratório Central de Tecnologias de Alto Desempenho em Ciências da Vida (LaCTAD), localizado em Campinas, São Paulo. Foi realizado um controle de qualidade do DNA, passando inicialmente por uma avaliação no equipamento TapeStation 4200 da Agilent. Esse equipamento gera um valor chamado “DIN” (*DNA Integrity Number*), que reflete a qualidade do DNA analisado, assim, é observado o perfil do gel virtual obtidos para constatação de que não há arrastes característicos de DNA degradado. Posteriormente, a amostra íntegra seguiu para quantificação no equipamento Qubit da Thermo Fisher®. Por fim, para o sequenciamento do genoma completo, utilizou-se o sequenciador Illumina NextSeq2000, na cobertura de 50 milhões com *reads* de 100 pb de tamanho.

4.6 Montagem do genoma

A qualidade do sequenciamento foi medida utilizando o programa FastQC v0.12.1 (Babraham Bioinformatics, 2010; The Galaxy Community, 2024), em seguida, filtrou-se

aquelas sequências super-representadas através da ferramenta Trim Galore! v0.6.10 (Krueger, 2021; The Galaxy Community, 2024). As leituras filtradas foram usadas para a montagem dos contigs/scaffolds usando diferentes montadores. Dessa forma, obteve-se resultado do programa SPAdes v4.2.0 (Bankevich *et al.*, 2012; The Galaxy Community, 2024) e dos montadores SPAdes, Megahit e Skesa presentes na ferramenta Shovill v1.1.0 (Seemann, 2017; The Galaxy Community, 2024). As montagens foram comparadas utilizando o Quast v5.3.0 (Mikheenko *et al.*, 2018; The Galaxy Community, 2024), e a melhor montagem foi escolhida com base no maior tamanho N50, menor quantidade de L50 e L90, juntamente com o menor número de contigs. Avaliou-se a contaminação e completude da montagem escolhida pelo CheckM v1.2.1 (Parks *et al.*, 2015), através da plataforma do programa DFAST v1.2.0 (Tanizawa *et al.*, 2018).

4.7 Panorama gênico: Análise estrutural e funcional do genoma

4.7.1 Predição e anotação de genes: Bakta, Prokka e DFAST

Para análise dos genes presentes no genoma devidamente montado, realizou-se o processo de anotação. Dessa forma, utilizou-se os recursos disponíveis da ferramenta Proksee <https://proksee.ca/> (Grant *et al.*, 2023). Foi usado o programa para anotação Bakta v1.8.2 (Schwengers *et al.*, 2021), que possui um fluxo de trabalho de anotação abrangente para genes codificantes e não codificantes, matrizes CRISPR (repetições palindrômicas curtas agrupadas regularmente interespaçadas), lacunas, recursos *oriC* e *oriT*. Também foi usado para fins comparativos de anotação o programa Prokka v1.14.6 (Seemann, 2014), que conta com ferramentas externas de previsão de recursos para identificar as coordenadas de recursos genômicos dentro dos contigs. Para maior confiabilidade, aplicou-se o DFAST v1.2.0 (Tanizawa *et al.*, 2018) como um terceiro anotador, devido ao seu fluxo de trabalho, sendo composto principalmente por duas fases de anotação, ou seja, anotação estrutural para prever características biológicas e anotação funcional para inferir funções proteicas.

4.7.2 Identificação da espécie

Para identificação do gênero, realizou-se o Blast pelo National Center for Biotechnology Information (NCBI) (Altschul *et al.*, 1990) do gene 16S rRNA dos arquivos anotados pelo Bakta, Prokka e Dfast. A espécie foi determinada utilizando o DFAST, pois possui um pipeline

de anotação do genoma bacteriano integrado com métodos de taxonomia. O DFAST verifica a taxonomia com base no Relatório de Montagem do NCBI e no relatório ANI, assim como pela atribuição de taxonomia do *Genome Taxonomy Database* (GTDB). Utilizou-se também o BLAST+ 2.16.0 (Camacho *et al.*, 2009) através do programa Proksee para realizar a comparação com o genoma de referência *B. velezensis* FZB42 (NCBI Taxonomy ID: 326423).

Em relação à similaridade, usou-se a ferramenta Proksee para determinar a identidade média de nucleotídeos (FastANI) v1.34 (Jain *et al.*, 2018). As métricas de similaridade de genoma inteiro foram analisadas, utilizando a Identidade Média de Nucleotídeos (ANI). Para esta análise, comparou-se o genoma montado com o genoma de referência do *B. velezensis* FZB42, o arquivo do genoma de referência pode ser encontrado pelo código de assembly ASM1578v2.

4.7.3 Conteúdo e inclinação de GC

Empregou-se as ferramentas GC Content e GC Skew, ambas contidas no proksee, para avaliar a composição de guaninas e citosinas e o quanto esses nucleotídeos são super-abundantes ou sub-abundantes em uma determinada região do genoma. Essa análise auxilia na anotação funcional do genoma e na compreensão da organização genômica.

O GC Content formou gráficos calculando o conteúdo de GC para cada janela deslizante usando a fórmula:

$$\frac{G + C}{\text{Tamanho da janela}} = \text{Valores entre 0 e 1}$$

Enquanto os gráficos do GC Skew foram gerados calculando a inclinação do GC para cada janela deslizante usando a fórmula:

$$\frac{G - C}{G + C} = \text{Valores entre } -1 \text{ e } 1$$

4.7.4 Identificação de elementos genéticos móveis bacterianos

Foi usado a ferramenta MobileOG-db (Brown *et al.*, 2022) para encontrar elementos genéticos móveis bacterianos (MGEs), estes sendo impulsionadores críticos da transferência horizontal de genes.

4.7.5 Anotação dos resistomas presentes no genoma

O banco de dados CARD (*Comprehensive Antibiotic Resistance Database*) (Alcock *et al.*, 2023) foi usado para anotar e interpretar os resistomas presentes no genoma. Este recurso possui uma curadoria que fornece sequências de referência de DNA e proteínas, modelos de detecção e ferramentas de bioinformática sobre a base molecular da resistência antimicrobiana bacteriana (AMR).

4.7.6 Detecção e tipagem de proteínas Cas

Utilizou-se o programa CRISPRCasFinder v.4.2.20 (Couvin *et al.*, 2018), para detectar matrizes CRISPRs, prever a orientação CRISPR, detecção e tipagem de proteínas Cas.

4.7.7 Identificação de metabólitos secundários

O software AntiSMASH (*Antibiotics & Secondary Metabolite Analysis Shell*) v.7.0.0, encontrado no endereço <https://antismash.secondarymetabolites.org/#!/start> (Blin *et al.*, 2025), foi usado para identificar clusters de genes relacionados a metabólitos secundários. Usou-se este software nas configurações padrão, alterando somente o rigor de detecção para estrito, com objetivo de detectar clusters bem definidos.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Propriedades Básicas do Solo

A análise química do solo tem por princípio a determinação dos teores de nutrientes e de características que podem influenciar a disponibilidade desses nutrientes para as plantas (Prezotti e Guarçoni, 2013). Os nutrientes do solo são fatores-chave para a produção agrícola e desempenham papéis importantes no crescimento das plantas, mas podem limitar a produção onde prevalecem quantidades insuficientes (Miran *et al.*, 2021; Sharma *et al.*, 2022).

Desse modo, a tabela 01 do apêndice apresentou resultados para análise básica do solo em relação ao PH CaCl₂ (Cloreto de cálcio), PH H₂O (água), P (fósforo), K (potássio), Al (alumínio), Ca (cálcio), Mg (magnésio), H+Al (Acidez potencial), pH SMP (solução tampão

Shoemaker, McLean e Pratt), SB (Soma das bases), T (Capacidade de troca de cátions), V% (Saturação por bases), MO (Matéria orgânica). Da mesma forma valores relacionados aos micronutrientes, sendo eles Cu (cobre), Mn (manganês), Fe (ferro) e Zn (zinco).

5.2 Perfil bacteriano dos isolados

Teve como resultado primário o isolamento de oito bactérias, e sua caracterização morfológica, bioquímica e a análise da presença de colônias fluorescentes (Tab. 02). Foram identificadas seis bactérias Gram-positivas, sendo cinco positivas para catalase e uma negativa, da mesma forma, identificou-se dois isolados Gram-negativos e ambos indicaram oxidase negativa. Apenas três isolados apresentaram colônias fluorescentes sob luz UV, indicando produção de PHA. A cepa MT 7 foi selecionada, pois apresentou características promissoras na fluorescência, seguindo para extração de DNA.

Tabela 02. Descrição da caracterização morfológica, bioquímica e colônias fluorescentes das bactérias isoladas.

Bactéria isolada	Gram	Catalase	Oxidase	Produção de PHA
MT 1	Negativa	-	Negativa	Negativa
MT 2	Negativa	-	Negativa	Negativa
MT 3	Positiva	Positiva	-	Positiva
MT 5	Positiva	Positiva	-	Positiva
MT 6	Positiva	Negativa	-	Negativa
MT 7	Positiva	Positiva	-	Positiva
MT 8	Positiva	Positiva	-	Negativa
MT 9	Positiva	Positiva	-	Negativa

Legenda: (-) Teste não realizado

5.3 Quantificação da amostra de DNA

Após extraído, o DNA apresentou uma média de concentração de 42,09 µg/ml, quantificada pelo BioDrop Touch Duo. A qualidade do DNA realizada pela LaCTAD, revelou que não houve arrastes característicos de DNA degradado, sendo a amostra considerada íntegra

em um conjunto de dados de sequenciamento com uma frequência estatisticamente muito maior do que a esperada, podem ter causas biológicas ou, mais frequentemente, indicar um problema técnico durante a preparação da biblioteca de sequenciamento.

5.5 Montagem da sequência genômica

Dentre as estatísticas de montagem observou-se que a melhor qualidade de montagem do genoma foi realizada pelo Shovill, utilizando o montador SPAdes (Tab. 04). A ferramenta Shovill é um *pipeline* que usa SPAdes em seu núcleo, mas altera as etapas antes e depois da etapa de montagem primária para obter resultados semelhantes em menor tempo (Seemann, 2017).

Ao comparar o montador SPAdes com o Megahit, verificou-se que o SPAdes produziu contigs montados mais longos e com melhores valores de N50 (Tab. 04), esses resultados são os mesmos encontrados no trabalho de Mallya e colaboradores (2025), no qual compararam os mesmos montadores para a montagem genômica do *B. velezensis* B26.

Tabela 04. Avaliação da qualidade de montagem do genoma pelos montadores SPAdes e Shovill (SPAdes, Megahit e Skesa) feitas no programa Quast.

Estatística	SPAdes	Shovill - SPAdes	Shovill - Megahit	Shovill - Skesa
contigs	34	28	49	29
contigs (≥ 0 bp)	214	122	254	29
contigs (≥ 1000 bp)	26	26	45	25
Largest contig	887.861	814.674	614.314	887.844
Total length	3.939.179	3.944.630	3.933.211	3.941.245
Total length (≥ 0 bp)	3.967.157	3.959.068	3.961.128	3.941.245
Total length (≥ 1000 bp)	3.933.099	3.943.221	3.930.876	3.938.372
N50	564.643	680.954	300.800	566.207
N90	75.321	65.715	65.686	103.824
auN	460.824	510.552	284.213	497.357
L50	3	3	5	3
L90	12	11	17	10
GC (%)	46.52	46.55	46.52	46.54

A escolha dessa montagem é devida a vários parâmetros, como o menor número de contigs formados, o maior tamanho de N50, que é o comprimento do contig que somado a contigs de comprimento maior ou igual produza metade (50%) das bases do conjunto, como também o N90, sendo similar ao N50, mas representa o comprimento mínimo necessário para cobrir 90% do genoma montado. Além disso, verificou-se os menores valores das métricas L50 que é o número mínimo de contigs que produzem metade (50%) das bases do conjunto e L90 sendo o número mínimo de contigs necessários para cobrir 90% do genoma. O montador SPAdes também foi utilizado para a montagem do *B. velezensis* RVMD2 no trabalho de Alnaimat (2025).

O genoma montado teve uma completude de 99,41% e a contaminação a 0,0%, avaliada pelo programa CheckM v1.2.1. A completude de um genoma refere-se à proporção do material genético de um organismo que foi corretamente sequenciado, montado e representado em uma montagem genômica, sendo o CheckM um método automatizado para estimar a completude e contaminação de um genoma usando genes marcadores que são específicos da linhagem inferida de um genoma dentro de uma árvore do genoma de referência (Parks *et al.*, 2015).

5.6 Recursos genômicos e anotações

5.6.1 Identificação taxonômica e perfil microbiano

Identificou-se que o isolado MT7 pertence ao gênero *Bacillus*, após o resultado do BLAST do gene 16S rRNA dos arquivos anotados pelo Bakta, Prokka e Dfast. A espécie foi determinada como *Bacillus velezensis* utilizando o *pipeline* de taxonomia do DFAST, em que apresentou resultado ANI efetivo $\geq 95\%$ contra apenas 1 espécie, ou seja *B. velezensis*, portanto o nome da espécie foi determinado de forma conclusiva (Tab. 05). Para as espécies *B. siamensis* e *B. amyloliquefaciens* o *status* foi *below_threshold*, indicando que o impacto do ANI está abaixo do limite (95%). Dessa forma, o isolado MT7 foi renomeado para *B. velezensis* MT7.

O ANI foi reconhecido internacionalmente por seu potencial de substituir a hibridização DNA–DNA como medida padrão de parentesco, pois é mais fácil estimar e representa dados portáteis e reproduzíveis (Rosselló-Mora, 2005). A identidade nucleotídica média dos genes compartilhados entre duas cepas é um meio robusto de comparar a parentesco genética entre cepas, e que valores de ANI de $\approx 94\%$ correspondiam ao padrão tradicional de reassociação

DNA–DNA de 70% da definição atual de espécie (Konstantinidis; Tiedje, 2005). No corte de 94% do ANI, as espécies atuais incluem apenas cepas moderadamente homogêneas, por exemplo, a maioria dos genomas >4-Mb compartilha apenas 65–90% de seus genes, aparentemente como resultado da evolução das cepas em diferentes ambientes ecológicos (Konstantinidis; Tiedje, 2005). Notavelmente, uma grande fração, por exemplo, até 65%, das diferenças no conteúdo gênico dentro das espécies está associada a elementos bacteriófagos e transposases, revelando um papel importante desses elementos durante a especiação bacteriana (Konstantinidis; Tiedje, 2005).

Tabela 05. Determinação de espécie do isolado MT7 pelo programa DFAST.

Nome do organismo	Strain	Accession	Taxonomy ID	ANI (%)	Align % (Reference)	Align % (Query)	Status**
<i>Bacillus velezensis</i>	strain=KCTC 13012	GCA_001267695.1	492670	97.67	89.4	91.49	conclusive
<i>Bacillus velezensis</i>	strain=NRRL B-41580	GCA_001461825.1	492670	97.67	89.4	91.44	conclusive
<i>Bacillus siamensis</i>	strain=KCTC 13613	GCA_000262045.1	659243	94.3	88.11	84.27	below_threshold
<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	strain=type strain: CIP103265	GCA_965136255.1	1390	93.88	83.46	81.99	below_threshold
<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	strain=DSM 7	GCA_000196735.1	1390	93.76	81.38	82.12	below_threshold
<i>Bacillus nakamurai</i>	strain=NRRL B-41091	GCA_001584325.1	1793963	87.0	52.46	49.06	below_threshold

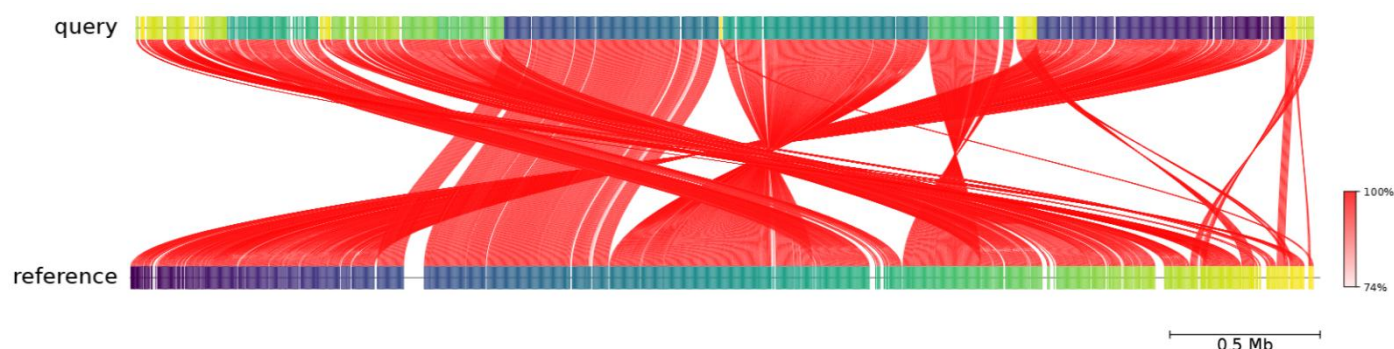
Legenda: (Below_threshold) impacto do ANI está abaixo do limite (95%).

O FastANI é um programa que fornece valores de ANI que são essencialmente idênticos aos valores de ANI baseados em alinhamento tanto para genomas completos quanto de qualidade de rascunho que estão relacionados na faixa de identidade de nucleotídeos de 80 a 100%. Desse modo, o FastANI permite a estimativa precisa dos valores de ANI par a par para grandes cortes de genomas ou a avaliação da novidade de um rascunho de genoma de consulta comparando-o com a coleção completa de genomas procarióticos disponíveis (Jain *et al.*, 2018). Portanto, o FastANI representa a identidade nucleotídica média de todos os genes ortólogos compartilhados entre dois genomas e oferece resolução robusta entre cepas da mesma espécie ou de espécies intimamente relacionadas (Jain *et al.*, 2018). A figura 11 mostra uma visualização detalhada da sintenia entre o genoma montado (indicado como *reference*) e o genoma de

referência *B. velezensis* FZB42 (indicado como *Query*). A análise de sintenia verifica se a ordem dos genes é conservada entre os genomas comparados. Cada linha vermelha representa um mapa recíproco entre os genomas, destacando suas sequências evolutivamente conservadas. As linhas vermelhas denotam regiões genômicas conservadas, com a intensidade da cor indicando um alto valor de ANI. Nessa figura 11 é possível observar que a ordem dos genes ortólogos nos genomas comparados apresentou grandes variações.

O relatório do FastANI indicou 97.4269% de identidade de nucleotídica média entre os genomas *B. velezensis* MT7 e *B. velezensis* FZB42, evidenciando 1.212 genes ortólogos correspondentes em relação às 1.306 sequências do genoma de referência. De forma semelhante, Alnaimat e colaboradores (2025) observaram por meio da análise FastANI, alto grau de conservação e pequenas divergências entre *B. velezensis* RVMD2 e suas cepas mais próximas, evidenciando proximidade evolutiva e conservação funcional, do mesmo modo, o presente estudo também demonstrou alta similaridade genômica entre *B. velezensis* MT7 e *B. velezensis* FZB42, reforçando a ideia de estabilidade genômica característica da espécie.

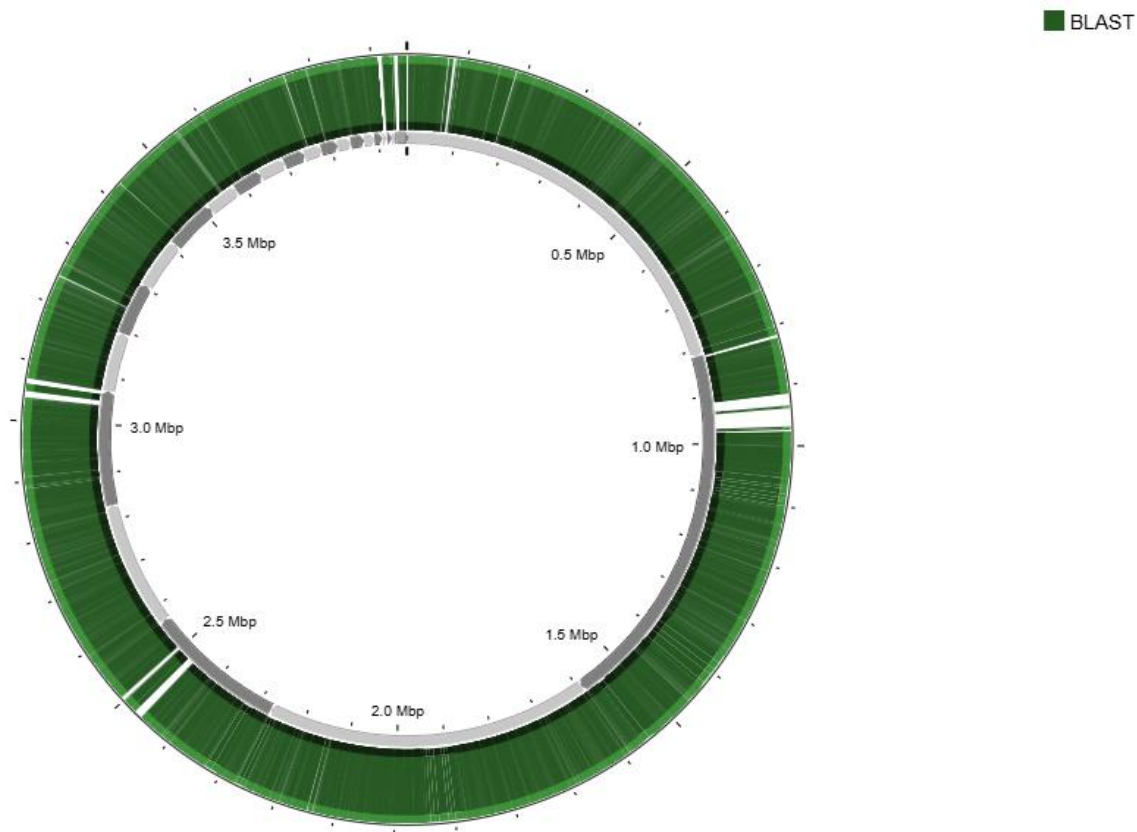
Figura 11. Visualização detalhada da análise de sintenia entre o genoma montado do *Bacillus velezensis* MT7 (*reference*) e o *Bacillus velezensis* FZB42 (*Query*). Cada segmento de linha vermelha denota um mapeamento recíproco entre a consulta e o genoma de referência, indicando suas regiões evolutivas conservadas.



Fonte: Autora, 2025.

Após comparação entre os genomas do *B. velezensis* MT7 e *B. velezensis* FZB42, verificou-se o grau de similaridade genômica, indicando regiões com alta ou pouca similaridade, além de regiões exclusivas do *B. velezensis* MT7 (Fig. 10). As barras verdes indicam regiões alinhadas (identidade) entre os genomas de FZB42 e MT7 (anel cinza claro e escuro).

Figura 10. Blast entre o genoma montado MT7 e o genoma de referência FZB42.

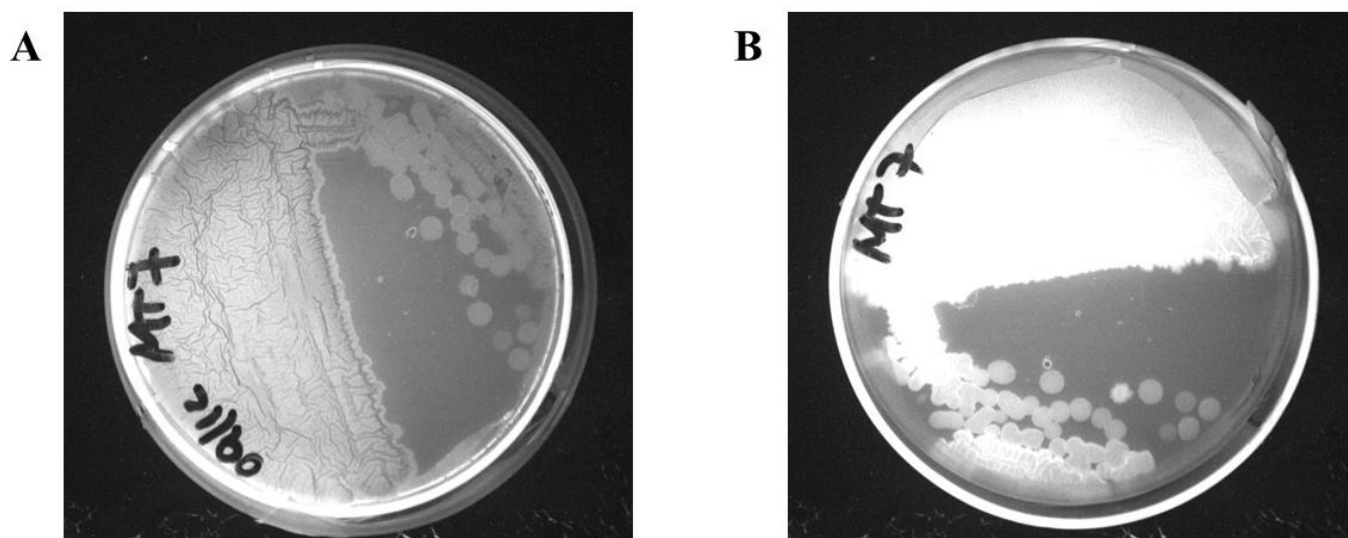


Fonte: Autora, 2025.

Em relação ao seu perfil bacteriano o *B. velezensis* MT7 possui parede celular Gram-positiva, em forma de bastonetes, ocorrendo isoladamente, em pares e em cadeias curtas (Fig. 7B), além de apresentar resultado para catalase positiva, sendo esse aspecto comum em bactérias aeróbias e facultativas para o gênero *Bacillus*. Essas características são as mesmas encontradas na primeira descrição de *B. velezensis* feita por Ruiz-García e colaboradores (2005).

Quando cultivada em meio MMG acrescido do corante fluorescente *Nile Red*, e após 48h de incubação ser exposta a luz UV, exibiu alta fluorescência, sendo visualizada em exposição de sensibilidade à 1.900 ms (Fig. 06). Esta fluorescência foi visualizada quando comparada à bactéria *Cupriavidus necator* DSM 551 como controle positivo de produção de PHAs.

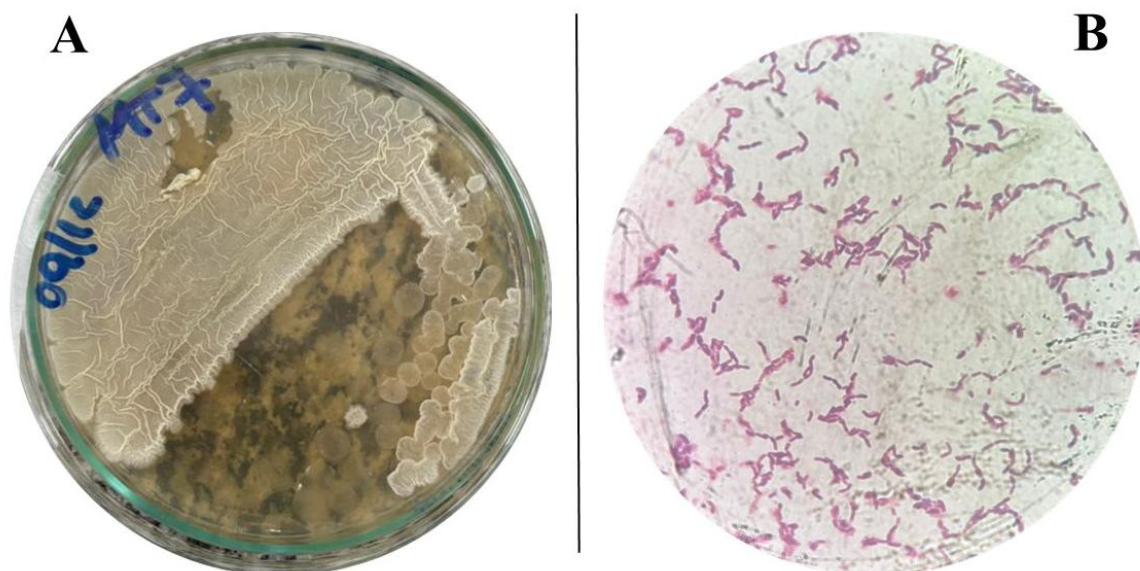
Figura 06. *Bacillus velezensis* MT7 sob luz UV do fotodocumentador.



Legenda: (A) Frente da placa. (B) verso da placa.

Fonte: Autora, 2025.

Figura 07. Aspecto colonial e perfil morfológico de *Bacillus velezensis* MT7.



Legenda: (A) Colônias formadas após plaqueamento por estriamento em meio MMG. (B) Morfologia celular observada por microscopia óptica.

Fonte: Autora, 2025.

5.6.2 Análise comparativa das anotações

Na comparação entre os anotadores Prokka, Dfast e Bakta, o Bakta promoveu os melhores resultados de anotação para o genoma de *B. velezensis* MT7, com maiores números de genes e proteínas identificadas, além de estabelecer o menor número de proteínas hipotéticas

(Tab. 06). Os três anotadores são amplamente utilizados para anotar genoma, como por exemplo no trabalho de Sousa e colaboradores (2025), que utilizaram o Prokka para anotação rápida dos genomas de nove cepas de *B. velezensis*, isoladas do solo da Bahia. Da mesma forma, o DFAST foi usado para anotar a sequência completa do genoma de *B. velezensis* RB. IBE29 (Tran *et al.*, 2023), no qual apontou 530 proteínas hipotéticas em seu genoma, sendo compatível com a mesma quantidade encontrada em *B. velezensis* MT7 (Tab. 06).

Tabela 06. Comparação dos resultados obtidos entre os anotadores Bakta, Prokka e Dfast.

Parâmetro	Bakta	Prokka	DFAST
Número de sequências (total)	4.004	3.886	3.854
Sequências codificadoras de proteínas (CDSs)	3.798	3.798	3.799
Proteínas hipotéticas	327	1.199	530
Proteínas funcionais	3.471	2.599	3.269
Número de rRNAs	5	5	1
Número de tRNAs	118	82	45

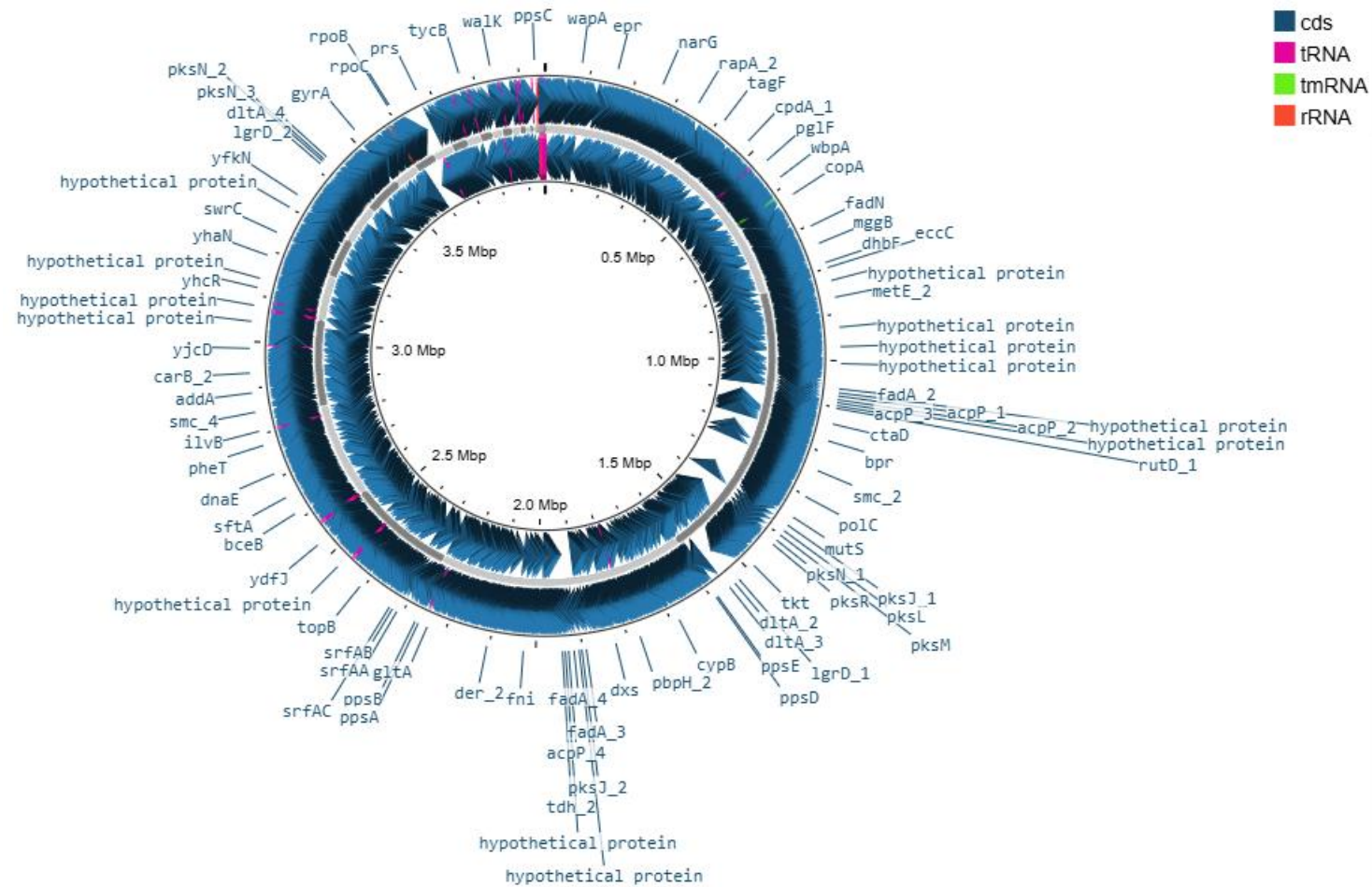
A ferramenta baseada na Web Proksee gerou mapas circulares representando o genoma de *B. velezensis* MT7, indicando algumas sequências anotadas pelo Bakta (Fig. 08) e Prokka (Fig. 09). Não foi possível gerar um mapa circular de anotação do DFAST, pois o anotador não estava incluído nas ferramentas do programa Proksee.

Ilustrando a estrutura genômica detalhada, ambos os mapas exibem sequências de DNA codificantes (CDS) em fitas diretas e reversas, contigs de *backbone*, RNAt, RNAtm e RNAr, no entanto o mapa de anotação do Bakta (Fig. 08) tem o adicional de ncRNA-Region, ncRNA e *oriC*. O anel mais externo (fita direta) e interno (fita reversa) exibem sequências relativas às características biológicas presentes no genoma. Os contigs montados estão localizados no anel do meio (cor cinza claro e escuro), representando as sequências de DNA longas e contínuas que formam a estrutura principal do genoma montado.

O Bakta sinalizou 58 ncRNA Regions, 22 ncRNA e 2 pontos de origem da replicação do DNA cromossômico (*oriC*). O ncRNA é uma molécula funcional de RNA não codificante, que desempenha papéis fundamentais na regulação da expressão gênica, organização do genoma, diferenciação celular, resposta a estresses e desenvolvimento de doenças, enquanto o ncRNA-Region é o trecho do DNA que dá origem ao ncRNA.

A circular genome map of *Bacillus subtilis*. The outer ring shows the distribution of different types of genetic elements: ncRNA-region (orange), ncRNA (cyan), tRNA (magenta), tmRNA (green), oriC (blue), and rRNA (red). The inner rings show the locations and orientations of genes, represented by arrows. The map is divided into segments labeled with genomic coordinates: 0.5 Mbp, 1.0 Mbp, 1.5 Mbp, 2.0 Mbp, 2.5 Mbp, 3.0 Mbp, and 3.5 Mbp. Numerous gene names are listed around the perimeter, including DNA-directed RNA polymerase subunit beta, Amino acid adenylation domain-containing protein, Carrier domain-containing protein, Bacitracin synthetase 3, hypothetical protein yfjO, swrC, yhaN, Stage V sporulation protein R, yhcR, DUF4135 domain-containing protein, yjcD, 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase 2, ATP-dependent helicase/nuclease subunit A, Lon protease 1, Phenylalanine--tRNA ligase beta subunit, DNA polymerase III subunit alpha, Asparagine synthase, ydfJ, yddE, mtlR, srfAB, yoaE, srfaA, Plipastatin synthase subunit B, Plipastatin synthase subunit C, Glutamate synthase large subunit, srfaC, Dinamin-like protein A, Polyketide synthase type I, pksN, dfnJ, pksM, yqhH, yrhE, bamA, Mycosubtilin synthase subunit B, Polyketide synthase, Polyketide synthase subunit C, hypothetical protein, Plipastatin synthase subunit E, Mycosubtilin synthase subunit C, Chromosome partition protein Smc, DNA polymerase III PolC-type, mutS, pksN, yobO, pksJ, BipA, pksN, Polyketide synthase type I, mlnF, mlnC, Branched-chain amin, eccC, Copper-exporting P-type ATPase, yusP, isochoirismatase, SF4 helicase domain-containing protein, yob0, yku0, pksJ, 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltr, yvnB, lutP, Beta-N-acetylglucosaminidase, nitrate reductase (quinone), Catalase, mcpB, fenC, DUF6531 domain-containing protein.

Figura 09. Mapa circular de anotação do Prokka produzido pelo Proksee. O anel mais externo (fita direta) e interno (fita reversa), coloridos, exibem as informações relativas à anotação do Prokka sob os contigs montados (cor cinza claro e escuro).



Anotar o genoma com três anotadores diferentes, possibilitou compará-los entre si, fazendo com que aumente a margem de identificação de genes e proteínas presentes no genoma. Desse modo, com base na anotação de menor número de proteínas hipotéticas (Tab. 06), utilizou-se a anotação do Bakta como referência, reclassificando suas proteínas hipotéticas de acordo com os resultados encontrados dos dois outros anotadores no mesmo fragmento.

Quando um anotador indica que uma sequência é uma "proteína hipotética", isso significa que a sequência foi prevista como codificadora de proteína com base em análises *in silico*, mas não há evidências experimentais ou informações suficientes em seu banco de dados para determinar sua função biológica.

Das 327 proteínas inicialmente classificadas como hipotéticas, 146 sequências foram posteriormente identificadas como genes ou proteínas com função atribuída (Tab. 07). Entre essas, 95 foram consideradas genes consensuais, ou seja, foram simultaneamente anotadas pelos programas Prokka e DFAST, indicando maior confiabilidade na predição e anotação gênica, uma vez que a concordância entre diferentes algoritmos tende a aumentar a precisão e a consistência dos resultados.

O uso de múltiplos anotadores (*softwares* e *pipelines* distintos) para identificar proteínas hipotéticas é fundamental para aumentar a confiabilidade, abrangência e qualidade da anotação genômica. Ao distinguir e validar esses genes, refina-se a base de dados funcional do genoma estudado, permitindo discutir rotas metabólicas, fatores de virulência, resistência, ou também impactar em futuras comparações e estudos evolutivos com maior confiança.

Tabela 07. Identificação e reclassificação das proteínas hipotéticas encontradas da anotação do Bakta utilizando os anotadores Prokka e Dfast.

Região do genoma		Bakta		Prokka	Dfast	Anotação consenso
Contig	Start/Stop	Strand	Genes/Proteínas			Genes
Contig 01	4160 - 5176	1	Hypothetical protein	pucA	*XdhC family protein	<i>pucA</i>
Contig 01	5173 - 5793	1	Hypothetical protein	pucB	PucB	<i>pucB</i>
Contig 01	19232 - 20479	1	Hypothetical protein	yxal	*PQQ-binding-like beta-propeller repeat protein	<i>yxal</i>
Contig 01	51603 - 51989	-1	Hypothetical protein	yxel	CotNE	**
Contig 01	70024 - 70881	1	Hypothetical protein	bglF_1	Hypothetical protein	<i>bglF_1</i>
Contig 01	70878 - 71201	1	Hypothetical protein	bglF_2	Hypothetical protein	<i>bglF_2</i>
Contig 01	85856 - 86167	1	Hypothetical protein	wapI_1	WapI	<i>wapI_1</i>
Contig 01	89985 - 90371	1	Hypothetical protein	wapI_2	Hypothetical protein	<i>wapI_2</i>
Contig 01	95196 - 95885	1	Hypothetical protein	licT	Hypothetical protein	<i>licT</i>
Contig 01	105932 - 106408	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*LURP-one-related/scramblase family protein	**
Contig 01	136189 - 137085	-1	Hypothetical protein	yfiY	*iron-hydroxamate ABC transporter substrate-binding protein	**
Contig 01	154994 - 155491	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YwaE	<i>ywaE</i>
Contig 01	156588 - 158333	-1	Hypothetical protein	epr	Epr	<i>epr</i>
Contig 01	183909 - 184562	1	Hypothetical protein	yknY_1	*ABC transporter ATP-binding protein	**
Contig 01	200508 - 201053	-1	Hypothetical protein	gerQ	Hypothetical protein	<i>gerQ</i>
Contig 01	235669 - 235893	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF1450 domain-containing protein	**
Contig 01	272089 - 272616	1	Hypothetical protein	rpoE	Hypothetical protein	<i>rpoE</i>
Contig 01	314342 - 314530	1	Hypothetical protein	csbD	csbD	<i>csbD</i>
Contig 01	321891 - 322340	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF5362 family protein	**
Contig 01	322967 - 323836	1	Hypothetical protein	spoIIQ	spoIIQ	<i>spoIIQ</i>
Contig 01	326316 - 326666	-1	Hypothetical protein	nrgB	*P-II family nitrogen regulator	<i>nrgB</i>
Contig 01	352753 - 353013	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YwqI/YxiC	<i>ywqI/yxiC</i>
Contig 01	417427 - 417744	1	Hypothetical protein	lytA	LytA	<i>lytA</i>
Contig 01	454195 - 454536	1	Hypothetical protein	cccB	cccB	<i>cccB</i>
Contig 01	461381 - 462664	-1	Hypothetical protein	vgb	Hypothetical protein	<i>vgb</i>
Contig 01	467634 - 467870	1	Hypothetical protein	csbA	CsbA	<i>csbA</i>

Contig 01	474852 - 475046	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*PspC domain-containing protein	**
Contig 01	527369 - 527857	1	Hypothetical protein	padC	padC	<i>padC</i>
Contig 01	545344 - 545991	1	Hypothetical protein	epsM	*acetyltransferase	<i>epsM</i>
Contig 01	606074 - 606391	-1	Hypothetical protein	yodB_1	CatR	**
Contig 01	640749 - 641234	-1	Hypothetical protein	yvgO_1	yvgO_1	<i>yvgO_1</i>
Contig 01	652590 - 652730	1	Hypothetical protein	sspJ	sspJ	<i>sspJ</i>
Contig 01	667299 - 668243	1	Hypothetical protein	btuF	*transporter substrate-binding protein	<i>btuF</i>
Contig 01	669249 - 670475	1	Hypothetical protein	btuD_1	*ATP-binding cassette domain-containing protein	<i>btuD_1</i>
Contig 01	673035 - 673712	1	Hypothetical protein	liaH	*PspA/IM30 family protein	<i>liaH</i>
Contig 01	683652 - 683816	1	Hypothetical protein	yuzO	spxO	**
Contig 01	708582 - 708818	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YusG	<i>yusG</i>
Contig 01	730878 - 731747	-1	Hypothetical protein	bsn	*endonuclease I family protein	<i>bsn</i>
Contig 01	737634 - 737849	1	Hypothetical protein	yqbD_1	Hypothetical protein	<i>yqbD_1</i>
Contig 01	771950 - 772270	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YuiB	<i>yuiB</i>
Contig 01	807930 - 808151	1	Hypothetical protein	gerPF_1	*spore germination protein	<i>gerPF_1</i>
Contig 02	8734 - 9495	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	XepA	<i>xepA</i>
Contig 02	11237 - 11407	-1	Hypothetical protein	spoIISB	spoIISB	<i>spoIISB</i>
Contig 02	57725 - 57862	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*transcriptional regulator SplA domain-containing protein	**
Contig 02	68052 - 69230	1	Hypothetical protein	rsgI	rsgI	<i>rsgI</i>
Contig 02	139952 - 140383	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*phBC6A51 family helix-turn-helix protein	**
Contig 02	163578 - 163775	1	Hypothetical protein	queF_2	Hypothetical protein	<i>queF_2</i>
Contig 02	164472 - 164657	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YkvS family protein	**
Contig 02	211878 - 212111	1	Hypothetical protein	moaD	moaD	<i>moaD</i>
Contig 02	236020 - 236664	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YkyA	<i>ykyA</i>
Contig 02	393015 - 393503	1	Hypothetical protein	sirC	sirC	<i>sirC</i>
Contig 02	460504 - 461640	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	fliY	<i>fliY</i>
Contig 02	462044 - 462697	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	FliZ	<i>fliZ</i>
Contig 02	475097 - 475570	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	SwrB	<i>swrB</i>
Contig 02	527135 - 528316	1	Hypothetical protein	pbpX	*Serine hydrolase domain-containing protein	<i>pbpX</i>

Contig 02	539604 - 541481	1	Hypothetical protein	mutL	mutL	<i>mutL</i>
Contig 02	660004 - 660540	-1	Hypothetical protein	yvgO_2	yvgO_2	<i>yvgO_2</i>
Contig 02	663945 - 664379	1	Hypothetical protein	yncF	dutA	**
Contig 03	17511 - 18089	1	Hypothetical protein	spo0B	spo0B	<i>spo0B</i>
Contig 03	26227 - 27432	1	Hypothetical protein	safA	safA	<i>safA</i>
Contig 03	28559 - 29068	1	Hypothetical protein	bofC	bofC	<i>bofC</i>
Contig 03	39720 - 40046	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF1049 domain-containing protein	**
Contig 03	56527 - 57177	1	Hypothetical protein	yrrB	*tetratricopeptide repeat protein	<i>yrrB</i>
Contig 03	77041 - 77244	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YrzA	**
Contig 03	85012 - 85380	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF2294 domain-containing protein	**
Contig 03	136591 - 137166	1	Hypothetical protein	grpE	grpE	<i>grpE</i>
Contig 03	168654 - 169349	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*YqfQ family protein	**
Contig 03	204038 - 204217	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*YqzE family protein	**
Contig 03	241615 - 242796	-1	Hypothetical protein	alr2	alr_1	**
Contig 03	255666 - 255908	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF2627 domain-containing protein	**
Contig 03	285796 - 286326	-1	Hypothetical protein	nusG_1	nusG_1	<i>nusG_1</i>
Contig 03	370649 - 370771	-1	Hypothetical protein	mciZ	Hypothetical protein	<i>mciZ</i>
Contig 03	380521 - 380748	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YqzK	<i>yqzK</i>
Contig 03	421581 - 422351	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	LysM	<i>lysM</i>
Contig 03	434335 - 434466	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YpzI	<i>YpzI</i>
Contig 03	438022 - 438225	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF2768 domain-containing protein	**
Contig 03	488231 - 488335	-1	Hypothetical protein	sspM	-	<i>sspM</i>
Contig 03	495999 - 496298	1	Hypothetical protein	gpsB	gpsB	<i>gpsB</i>
Contig 03	498039 - 498191	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*YpzG family protein	**
Contig 03	518433 - 518615	1	Hypothetical protein	degR	degR	<i>degR</i>
Contig 03	533334 - 533585	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF2535 family protein	**
Contig 03	555325 - 555582	1	Hypothetical protein	yobA	Hypothetical protein	<i>yobA</i>
Contig 03	555920 - 556096	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	sprB	<i>sprB</i>
Contig 03	562578 - 562934	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*GyrI-like domain-containing protein	**
Contig 03	569778 - 570002	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YozE	<i>yozE</i>

Contig 03	583125 - 583325	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF3311 domain-containing protein	**
Contig 03	595129 - 596370	1	Hypothetical protein	cwlS	cwlS	<i>cwlS</i>
Contig 04	2157 - 2942	-1	Hypothetical protein	racA_2	-	<i>racA_2</i>
Contig 04	67078 - 67305	1	Hypothetical protein	bsdD	bsdD	<i>bsdD</i>
Contig 04	83336 - 84772	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*ABC transporter permease	**
Contig 04	119208 - 119528	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*antibiotic biosynthesis monooxygenase	**
Contig 04	143534 - 143884	1	Hypothetical protein	rppH	Hypothetical protein	<i>rppH</i>
Contig 04	150394 - 150747	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*SH3 domain-containing protein	**
Contig 04	152921 - 153232	1	Hypothetical protein	gsiB	gsiB	<i>gsiB</i>
Contig 04	162011 - 162778	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*ABC transporter permease	**
Contig 04	164495 - 164641	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	fbpB	<i>fbpB</i>
Contig 04	184582 - 184914	1	Hypothetical protein	*Protein SprT-like protein	-	**
Contig 04	194672 - 194920	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	conC	<i>conC</i>
Contig 04	231838 - 233133	1	Hypothetical protein	rfnT	*MFS transporter	<i>rfnT</i>
Contig 04	255307 - 255552	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YraG	<i>yraG</i>
Contig 05	1521 - 2240	-1	Hypothetical protein	dksA	*yteA family sporulation protein	<i>dksA</i>
Contig 05	16921 - 17400	1	Hypothetical protein	ytkD	ytkD	<i>ytkD</i>
Contig 05	39162 - 40142	1	Hypothetical protein	ytrC_1	ytrC_1	<i>ytrC_1</i>
Contig 05	61937 - 62119	1	Hypothetical protein	*Sporulation protein cse60	*sporulation protein Cse60	**
Contig 05	67879 - 68100	-1	Hypothetical protein	ytzE	*DeoR family transcriptional regulator	<i>ytzE</i>
Contig 05	90407 - 90829	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF948 domain-containing protein	**
Contig 05	90862 - 91275	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*YtxH domain-containing protein	**
Contig 05	112647 - 114395	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*diguanylate cyclase	**
Contig 05	182486 - 182926	1	Hypothetical protein	lrgA	lrgA	<i>lrgA</i>
Contig 06	22452- 22586	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	yhfH	<i>yhfH</i>
Contig 06	33012 - 34448	-1	Hypothetical protein	yhfT	*acyl-CoA synthetase	<i>yhfT</i>
Contig 06	40371 - 40739	1	Hypothetical protein	fra_1	-	<i>fra_1</i>
Contig 06	42176 - 42445	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*excalibur calcium-binding domain-containing protein	**
Contig 06	66374 - 66991	-1	Hypothetical protein	gerPC	-	<i>gerPC</i>
Contig 06	67276 - 67497	-1	Hypothetical protein	gerPA	*spore germination protein	<i>gerPA</i>

Contig 06	88901 - 89098	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*DUF3813 domain-containing protein	**
Contig 06	107207 - 107425	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	yjzB	<i>yjzB</i>
Contig 06	119135 - 119479	1	Hypothetical protein	oppA_1	Hypothetical protein	<i>oppA_1</i>
Contig 06	119476 - 120768	1	Hypothetical protein	oppA_2	oppA	**
Contig 06	150270 - 150584	-1	Hypothetical protein	cotW	cotW	<i>cotW</i>
Contig 06	224215 - 224805	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*ImmA/IrrE family metallo-endopeptidase	**
Contig 06	237895 - 238341	1	Hypothetical protein	yqbN	XkdN	**
Contig 07	19290 - 19496	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*helix-turn-helix transcriptional regulator	**
Contig 07	23982 - 24695	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*polymer-forming cytoskeletal protein	**
Contig 07	35854 - 36801	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*ABC transporter permease	**
Contig 07	91756 - 92262	-1	Hypothetical protein	betI	-	<i>betI</i>
Contig 07	112164 - 112349	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*YhzD family protein	**
Contig 08	61409 - 61657	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	cotJA	<i>cotJA</i>
Contig 08	66367 - 66540	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YezD	<i>yezD</i>
Contig 08	96246 - 96587	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*GNAT family N-acetyltransferase	**
Contig 09	10038 - 10172	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	YflJ	<i>yflJ</i>
Contig 09	17138 - 17398	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*spore germination protein	**
Contig 09	41629 - 41814	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*SE1561 family protein	**
Contig 09	58246 - 58428	1	Hypothetical protein	sspH	*small acid-soluble spore protein H	<i>sspH</i>
Contig 09	95332 - 95556	-1	Hypothetical protein	yfhS	Hypothetical protein	<i>yfhS</i>
Contig 09	96456 - 96626	1	Hypothetical protein	*Small, acid-soluble spore protein gamma-type	Hypothetical protein	**
Contig 10	28423 - 28674	1	Hypothetical protein	csgA	csgA	<i>csgA</i>
Contig 10	34337 - 34579	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*YbeF family protein	**
Contig 10	58395 - 58559	1	Hypothetical protein	rtpA	rtpA	<i>rtpA</i>
Contig 12	1082 - 1462	1	Hypothetical protein	mcsA	-	<i>mcsA</i>
Contig 12	42862 - 43041	1	Hypothetical protein	rpmD	rpmD	<i>rpmD</i>
Contig 16	16963 - 18339	1	Hypothetical protein	xylP_2	*MFS transporter	<i>xylP_2</i>
Contig 16	20805 - 21830	1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*TFIIB-type zinc ribbon-containing protein	**
Contig 17	12881 - 13600	-1	Hypothetical protein	Hypothetical protein	*cupin-like domain-containing protein	**

Contig 18	74 - 1261	1	Hypothetical protein	mcpB	-	<i>mcpB</i>
Contig 18	1446 - 3434	1	Hypothetical protein	mcpA_1	tlpA	**
Contig 20	16295 - 16558	1	Hypothetical protein	bofA	bofA	<i>bofA</i>

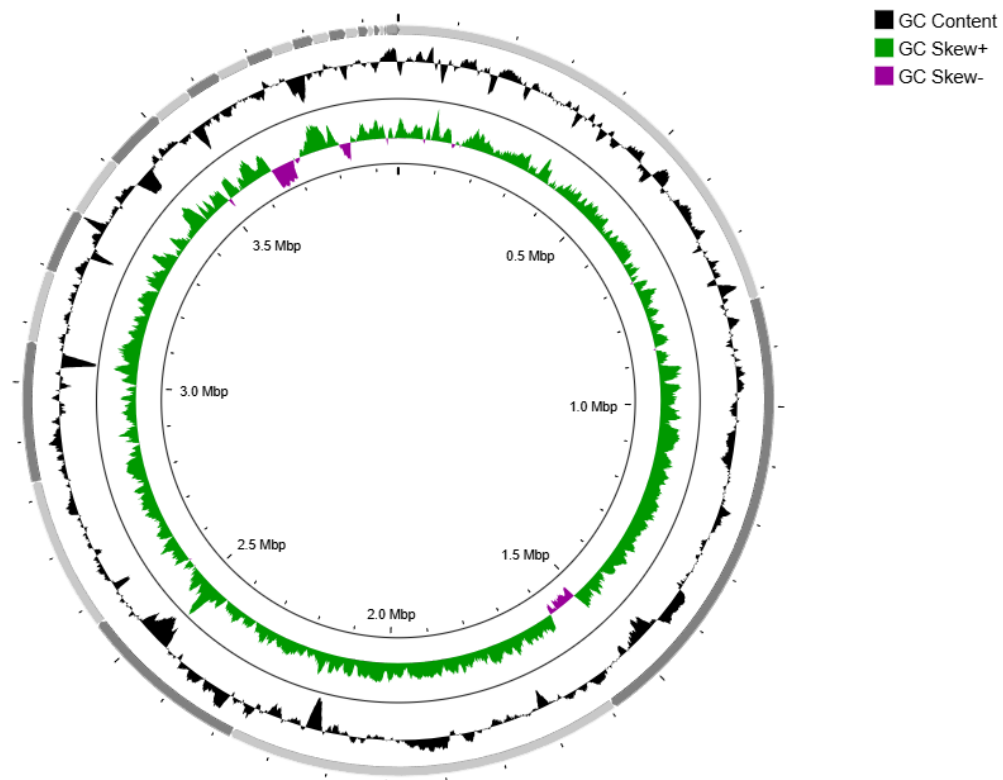
Legenda: (-) Fragmento de sequência não encontrado. * O anotador indicou a proteína do gene. ** Gene consenso em conflito na identificação e/ou ausência do gene (presença somente da proteína do gene). (1) Sentido direto. (-1) Sentido reverso.

5.6.3 Análise da distribuição de guaninas e citosinas

A figura 12 exibe um mapa circular contendo um anel de contigs de *backbone*, conteúdo de GC e inclinação de GC (gráfico verde/roxo). O anel mais externo mostra os contigs do genoma, o segundo anel representa o conteúdo de GC com picos pretos para áreas de GC mais altas, e o terceiro anel mostra a inclinação do GC, com verde para positivo (GC Skew+) e roxo para negativo (GC Skew-).

O conteúdo de GC em um genoma é uma característica central que influencia diversos aspectos biológicos, evolutivos e funcionais dos organismos. A filogenia e o ambiente influenciam a composição de nucleotídeos procarióticos e os níveis de GC (Reichenberger *et al.*, 2015), alguns ambientes (por exemplo, solos) estão associados a um alto teor de GC de seus habitantes, o que implica que o alto teor de GC é uma adaptação seletiva a habitats específicos ou que certos habitats favorecem o aumento das taxas de conversão gênica (Weissman *et al.*, 2019).

Figura 12. Mapa do conteúdo de GC e inclinação de GC no genoma do *Bacillus velezensis* MT7.



Fonte: Autora, 2025.

5.7 Caracterização genômica: Análise de genes interesse biotecnológico

5.7.1 Ausência de genes associados à síntese de PHA

A cepa *B. velezensis* MT7 foi bioprospectada como possível produtora do biopolímero polihidroxialcanoato, apresentando resultados promissores pela análise qualitativa de fluorescência, através do corante Red nile. Este corante tem sido amplamente utilizado para a triagem *in vivo* e identificação de bactérias produtoras de PHA em placas de ágar, através da observação de colônias fluorescentes sob luz ultravioleta. No entanto, devido a sua natureza lipofílica, ele pode se ligar a outras inclusões lipídicas, membranas ou envelope e detectar falsamente o organismo, como um produtor de PHA, após sua exposição à luz ultravioleta (Cánovas *et al.*, 2021). Por esse motivo, a coloração com um corante de fluorescência adicional pode ser apropriada para co-localizar grânulos de PHA, como no trabalho de Hong e colaboradores (2021) que utilizaram em conjunto os corantes BODIPY 493/50 e Nile Red para rastrear 20 cepas de cianobactérias.

Nesse sentido, não foi possível observar genes associados ao polihidroxialcanoato entre as anotações do genoma MT7, contudo, nota-se que seu genoma é *draft*, ou seja, o genoma está incompleto devido às limitações do sequenciamento, desse modo, não se pode confirmar com certeza a ausência desses genes. Além do mais, é necessário aplicar outras técnicas de rastreio de organismos produtores de PHA, com diferentes análises qualitativas e quantitativas de PHA intra e extracelular, como aquelas apresentadas no trabalho de Koller e Rodríguez-Contreras (2015). Diante disso, outras regiões gênicas de interesse biotecnológico presentes no *B. velezensis* MT7 foram exploradas.

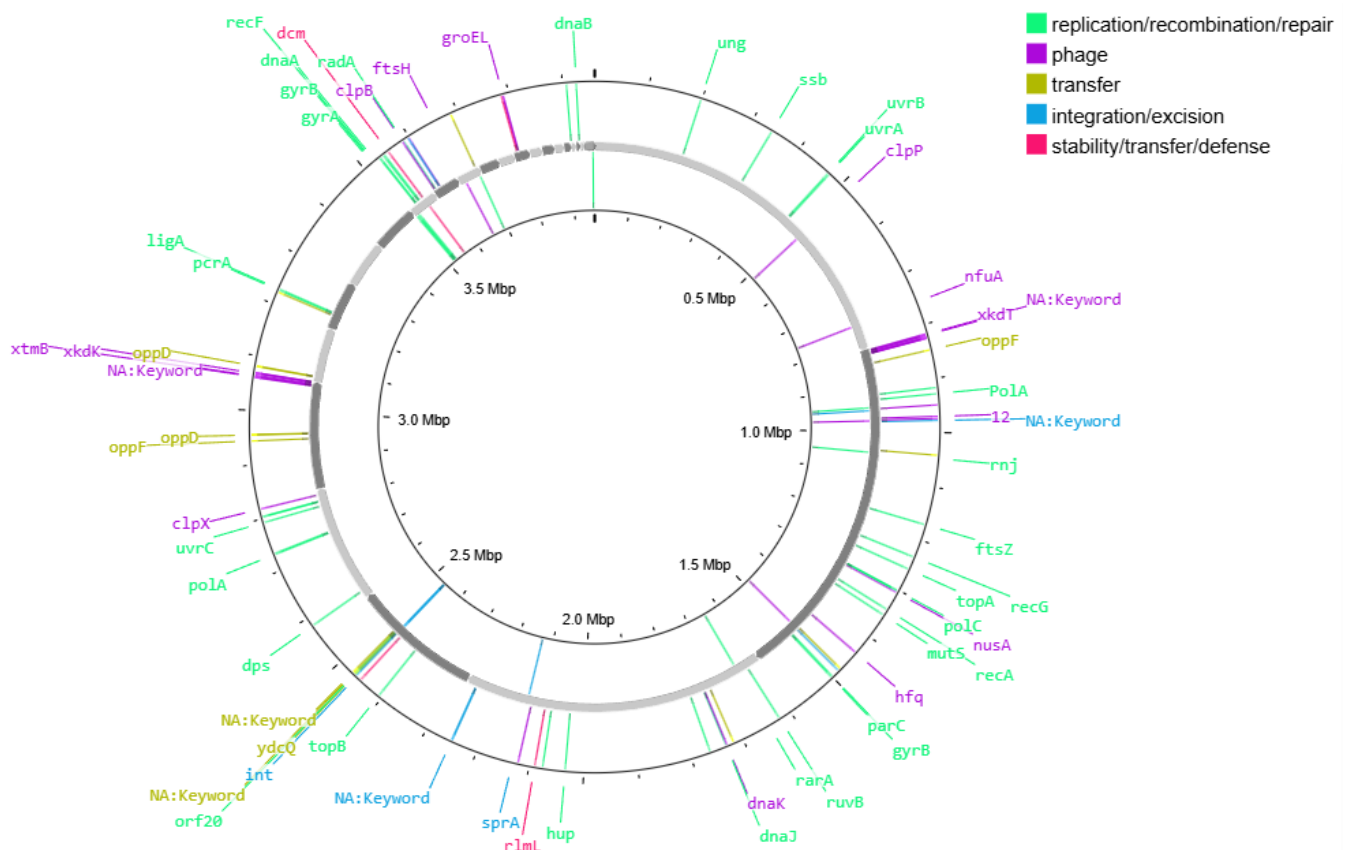
5.7.2 Elementos genéticos relacionados a evolução (elementos genéticos móveis), adaptabilidade (resistência a antibióticos) e defesa (CRISPR)

Os genes podem se mover dentro e entre genomas em taxas rápidas por causa dos elementos genéticos móveis (MGEs). Além de todos os organismos terem os genes transferidos verticalmente para a próxima geração muitos microrganismos também podem transferir genes horizontalmente, independentemente da multiplicação celular por meio de processos conhecidos coletivamente como transferência horizontal de genes (THG) (Rankin *et al.*, 2011). Em procariotos, os genes móveis podem ser transmitidos horizontalmente de três maneiras

principais: transformação, na qual a bactéria absorve o DNA exógeno e incorpora-o de forma estável em seu próprio genoma (Chen e Dubnau, 2004); transdução, que consiste na transferência de DNA através de um vetor bacteriófago; ou por conjugação, onde elementos genéticos móveis são transferidos por estruturas pili montadas entre duas bactérias localizadas adjacentes (Thomas e Nielsen, 2005).

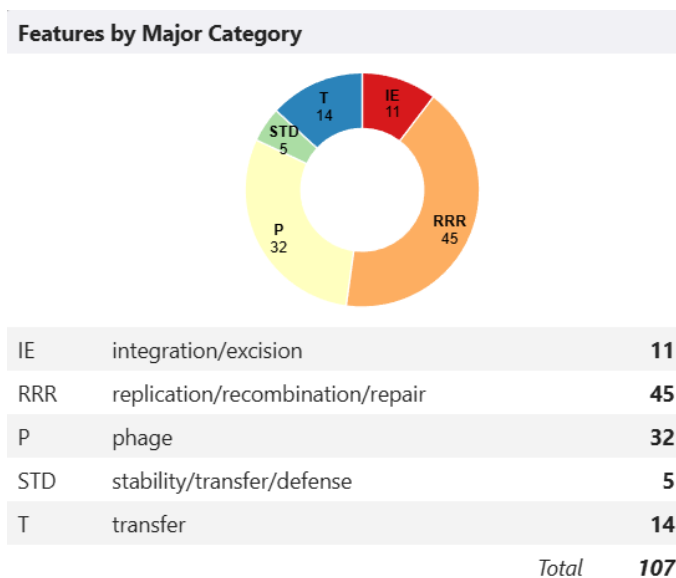
A figura 13 mostra a disposição de alguns genes associados a integração e excisão (IE) de um locus genético para outro; replicação, recombinação ou reparo de ácido nucleico (RRR); transferência entre organismos (T); estabilidade, transferência ou defesa de elementos (STD); e processos biológicos específicos do fago (P). Foram identificados no total 107 sequências relacionadas aos elementos genéticos móveis, e suas proporções são representadas na figura 14.

Figura 13. Mapa dos elementos genéticos móveis encontrados pelo MobileOG-db.



Fonte: Autora, 2025.

Figura 14. Quantidade de elementos genéticos móveis encontrados pelo MobileOG-db.



Fonte: Autora, 2025.

A tabela 08 informa a categoria, localização, nome do gene, identificação e acesso ao banco MobileOG das sequências associadas aos MGEs do *B. velezensis* MT7. Por exemplo, os genes *xepA*, *xhIA*, *xhIB* e *xlyA* (Tab. 08) estão vinculados a categoria fago, ou seja, suas funções estão ligadas a processos típicos de fagos, além disso, suas proximidades no genoma pode ser um forte indicativo de ilha genômica. Esses genes são os mesmos avaliados no trabalho de Krogh (1998), sendo identificados no operon tardio do profago PBSX e possivelmente estarem envolvidos na lise da célula hospedeira.

Tabela 08. Relação dos elementos genéticos móveis encontrados no *Bacillus velezensis* MT7.

Contig	Start #	Stop #	Strand	MobileOG ID	Best Hit	Accession	Gene Name
Replication/Recombination/Repair							
contig00001	197524	# 198207	#1	mobileOG_000331280	WP_002287070.1		<i>ung</i>
contig00001	340195	# 340536	#1	mobileOG_000386883	A0A473JYB1		<i>ssb</i>
contig00001	468046	# 470031	#1	mobileOG_000025604	WP_003722621.1		<i>uvrB</i>
contig00001	470039	# 472912	#1	mobileOG_000355072	WP_003722620.1		<i>uvrA</i>
contig00002	102233	# 103048	#1	mobileOG_000710546	M5P9P3		NA:Keyword
contig00002	112792	# 115041	#1	mobileOG_000100269	A0A3A9DRJ4		<i>polA</i>
contig00002	130704	# 131516	#-1	mobileOG_000100267	A0A3A9DJ36		<i>ligB</i>
contig00002	231895	# 233562	#-1	mobileOG_000301569	WP_003722651.1		<i>rmj</i>
contig00002	355378	# 356526	# 1	mobileOG_000324789	WP_003731982.1		<i>ftsZ</i>
contig00002	417583	# 419631	# 1	mobileOG_000335508	WP_003733099.1		<i>recG</i>
contig00002	441643	# 443718	# 1	mobileOG_000024564	A0A0D6HS19		<i>topA</i>
contig00002	484892	# 489205	# 1	mobileOG_000305447	WP_003732817.1		<i>polC</i>
contig00002	525922	# 526965	# 1	mobileOG_000023827	WP_003732286.1		<i>recA</i>

contig00002	537000 # 539588 # 1	mobileOG_000282685	WP_014600816.1	<i>mutS</i>
contig00002	683716 # 685683 # 1	mobileOG_000295497	WP_003723731.1	<i>gyrB</i>
contig00002	685686 # 688109 # 1	mobileOG_000353784	WP_010989723.1	<i>parC</i>
contig00003	29819 # 30823 # 1	mobileOG_000003173	A0A177XTD0	<i>ruvB</i>
contig00003	52280 # 53548 # -1	mobileOG_000304867	WP_014600851.1	<i>rarA</i>
contig00003	139215 # 140342 # 1	mobileOG_000333398	WP_010990134.1	<i>dnaJ</i>
contig00003	170842 # 171735 # 1	mobileOG_000334867	WP_014600833.1	<i>nfo</i>
contig00003	441019 # 441297 # 1	mobileOG_000282273	A0A5D4KZT8	<i>hup</i>
contig00003	482529 # 483188 # 1	mobileOG_000328275	WP_014600959.1	<i>nth</i>
contig00004	131785 # 133995 # 1	mobileOG_000026482	A0A2C9YRR7	<i>topB</i>
contig00004	191104 # 192162 # 1	mobileOG_000268768	A0A087JXI4	<i>orf20</i>
contig00005	15795 # 16232 # 1	mobileOG_000031712	Q896C7	<i>dps</i>
contig00005	162298 # 164937 # 1	mobileOG_000334409	WP_066327595.1	<i>polA</i>
contig00005	164956 # 165792 # 1	mobileOG_000355086	WP_066327591.1	<i>mutM</i>
contig00005	224484 # 226256 # 1	mobileOG_000328745	WP_017696677.1	<i>uvrC</i>
contig00005	235403 # 236140 # 1	mobileOG_000351735	WP_003246039.1	<i>rph</i>
contig00005	236161 # 236748 # 1	mobileOG_000329817	WP_015251523.1	<i>rdgB</i>
contig00008	30813 # 33032 # 1	mobileOG_000280749	WP_022741854.1	<i>pcrA</i>
contig00008	33054 # 35063 # 1	mobileOG_000326675	WP_014600923.1	<i>ligA</i>
contig00011	281 # 2740 # -1	mobileOG_000353811	WP_003723770.1	<i>gyrA</i>
contig00011	2956 # 4878 # -1	mobileOG_000353718	WP_088838307.1	<i>gyrB</i>
contig00011	5195 # 6307 # -1	mobileOG_000347099	WP_029332175.1	<i>recF</i>
contig00011	7994 # 9334 # -1	mobileOG_000295499	WP_003727573.1	<i>dnaA</i>
contig00011	17700 # 18479 # 1	mobileOG_000301567	WP_003722150.1	<i>soj_2</i>
contig00011	18472 # 19323 # 1	mobileOG_000348645	WP_003722149.1	<i>parB</i>
contig00011	25806 # 26324 # 1	mobileOG_000286973	A0A1J0AKQ1	<i>ssb</i>
contig00011	27932 # 28690 # 1	mobileOG_000178486	A0A373XNK3	<i>exoA_2</i>
contig00012	5076 # 6455 # 1	mobileOG_000280750	WP_034801072.1	<i>radA</i>
contig00013	47540 # 47899 # -1	mobileOG_000736390	WP_003723491.1	NA:Keyword
contig00020	15395 # 15991 # 1	mobileOG_000024977	WP_003722062.1	<i>recR</i>
contig00022	6086 # 7450 # 1	mobileOG_000334486	WP_014600351.1	<i>dnaB</i>
contig00086	3 # 143 # -1	mobileOG_000489250	A0A174YXE4	NA:Keyword

Phage

contig00001	517635 # 518231 # -1	mobileOG_000049150	WP_001049162.1	<i>clpP</i>
contig00001	756670 # 756906 # -1	mobileOG_000375139	A0A077UMM1	<i>nfuA</i>
contig00002	2150 # 2809 # 1	mobileOG_000758429	A8FGP4	NA:Keyword
contig00002	2823 # 3800 # 1	mobileOG_000758430	A8FGP3	NA:Keyword
contig00002	4588 # 5634 # 1	mobileOG_000030932	A0A164X3B3	<i>xkdT</i>
contig00002	5618 # 6196 # 1	mobileOG_000030931	A0A162S606	<i>xkdU</i>
contig00002	8734 # 9495 # 1	mobileOG_000038940	A7Z3Q0	<i>xepA</i>

contig00002	9547 # 9810 # 1	mobileOG_000038939	A0A268DWX7	<i>xhlA</i>
contig00002	9824 # 10087 # 1	mobileOG_000038938	A0A0D7XMI4	<i>xhlB</i>
contig00002	10101 # 10979 # 1	mobileOG_000038937	A0A1D9PIB7	<i>xlyA</i>
contig00002	134253 # 134483 # 1	mobileOG_000100266	A0A0T6BIV3	<i>orf2</i>
contig00002	154062 # 156626 # 1	mobileOG_000394951	Q9ZXE2	12
contig00002	158960 # 159928 # 1	mobileOG_000394952	Q9ZXD7	<i>xlyA</i>
contig00002	161096 # 161308 # -1	mobileOG_000319806	WP_016885191.1	<i>orf2</i>
contig00002	489955 # 491076 # 1	mobileOG_000328890	WP_003722453.1	<i>nusA</i>
contig00002	623570 # 623791 # 1	mobileOG_000003404	A0A509FZS2	<i>hfq</i>
contig00002	667938 # 668558 # -1	mobileOG_000003225	A0A075R646	<i>lexA</i>
contig00003	137191 # 139029 # 1	mobileOG_000281494	WP_003721980.1	<i>dnaK</i>
contig00003	528184 # 528978 # 1	mobileOG_000206921	K1K007	<i>thyA</i>
contig00005	250196 # 251458 # 1	mobileOG_000344361	WP_003723886.1	<i>clpX</i>
contig00006	228717 # 229514 # 1	mobileOG_000000161	A0A164SQV7	<i>xtmA</i>
contig00006	229511 # 230809 # 1	mobileOG_000000163	A0A164SQV1	<i>xtmB</i>
contig00006	230813 # 232237 # 1	mobileOG_000758727	A0A164SQT2	NA:Keyword
contig00006	233141 # 234076 # 1	mobileOG_000758707	A0A063XAV8	NA:Keyword
contig00006	235978 # 237375 # 1	mobileOG_000000160	A0A063X5F0	<i>xkdK</i>
contig00006	237377 # 237820 # 1	mobileOG_000000164	A0A063X724	<i>xkdM</i>
contig00006	237895 # 238341 # 1	mobileOG_000758273	W7RHH5	NA:Keyword
contig00012	2550 # 4982 # 1	mobileOG_000313806	A0A2V2YL59	<i>clpB</i>
contig00012	16801 # 17391 # 1	mobileOG_000295498	WP_003726896.1	<i>nusG</i>
contig00013	11584 # 13503 # -1	mobileOG_000294835	WP_061803152.1	<i>ftsH</i>
contig00016	9491 # 9775 # 1	mobileOG_000100345	A0A2A2NYR2	<i>groS</i>
contig00016	9817 # 11451 # 1	mobileOG_000006918	A0A0G3E520	<i>groEL</i>

Transfer

contig00002	32178 # 33149 # 1	mobileOG_000054939	A0A075R936	<i>oppF</i>
contig00002	226685 # 226969 # 1	mobileOG_000293526	WP_002187129.1	<i>abrB</i>
contig00002	663945 # 664379 # 1	mobileOG_000316436	WP_021837980.1	<i>dut</i>
contig00003	124694 # 125263 # 1	mobileOG_000026070	P32393	<i>comEB</i>
contig00004	189669 # 191111 # 1	mobileOG_000022720	A0A164RYI6	<i>ycdQ</i>
contig00004	193592 # 194656 # 1	mobileOG_000719388	A0A087JXK4	NA:Keyword
contig00004	195446 # 197839 # 1	mobileOG_000720021	A0A164RYC1	NA:Keyword
contig00006	111818 # 112807 # 1	mobileOG_000054829	A0A0F6Y077	<i>oppF</i>
contig00006	122744 # 123820 # 1	mobileOG_000352853	W8URX7	<i>oppD</i>
contig00006	123813 # 124730 # 1	mobileOG_000355845	A0A0D6HXC4	<i>oppF</i>
contig00007	9718 # 10704 # 1	mobileOG_000055171	A0A075R4F7	<i>oppD</i>
contig00008	10697 # 11662 # 1	mobileOG_000055172	A0A0F7C1P5	<i>oppF</i>
contig00008	27950 # 28261 # 1	mobileOG_000478419	A0A3E4ZXG0	NA:Keyword
contig00013	45260 # 45544 # 1	mobileOG_000356080	WP_012368944.1	<i>abrB</i>

Integration/Excision				
contig00002	137550 # 138098 # -1	mobileOG_000713626	A0A1N7EVP1	NA:Keyword
contig00002	162350 # 163513 # 1	mobileOG_000757806	A0A0T6BPG3	NA:Keyword
contig00002	669042 # 669692 # 1	mobileOG_000758657	A0A4Y1W5V3	NA:Keyword
contig00003	537899 # 539566 # -1	mobileOG_000000787	A0A164XG73	<i>sprA</i>
contig00003	656373 # 656603 # 1	mobileOG_000587775	E0TY04	NA:Keyword
contig00003	656917 # 657462 # 1	mobileOG_000587774	A0A0M0L2I9	NA:Keyword
contig00004	185836 # 186945 # -1	mobileOG_000022714	A0A164RYQ5	<i>int</i>
contig00004	186959 # 187477 # -1	mobileOG_000022715	A0A415IT03	<i>immA</i>
contig00004	187474 # 187866 # -1	mobileOG_000022716	A0A0A1M9H4	<i>immR</i>
contig00004	188146 # 188337 # 1	mobileOG_000268769	A0A087JXN3	<i>xis</i>
contig00012	15590 # 16246 # 1	mobileOG_000329501	A0A2V2YL34	<i>sigH</i>
Stability/Transfer/Defense				
contig00003	496832 # 497998 # 1	mobileOG_000295500	WP_003732062.1	<i>rlmL</i>
contig00004	176700 # 177050 # 1	mobileOG_000337997	WP_003253417.1	<i>ndoA_1</i>
contig00011	36946 # 38286 # 1	mobileOG_000326161	WP_113765629.1	<i>dcm</i>
contig00011	38348 # 39073 # -1	mobileOG_000748353	WP_113765571.1	NA:Keyword
contig00016	6689 # 7336 # 1	mobileOG_000006919	A0A0G3DYA6	<i>rex</i>

Legenda: (NA:Keyword) Palavra-chave não identificada. (1) Fita no sentido direto. (-1) Fita no sentido reverso.

O software Resistance Gene Identifier (RGI) do CARD identificou 7 genes de resistência a antibióticos (ARGs) no genoma do *B. velezensis* MT7 (Tab. 09). Para a espécie *B. velezensis*, a porcentagem de genomas do NCBI que contém os genes *qacJ*, *tet(45)*, *vanT-G*, *vanY-B*, *clbA*, *fosBx*, *bclI* é de 99.33%, 80.6%, 100%, 100%, 80.6%, 93.98% e 98.66%, respectivamente (Alcock *et al.*, 2023).

Quando comparado ao *B. velezensis* VJH504, também isolado de solo e no qual foram identificados 329 ARGs (Yang *et al.*, 2023), nota-se uma diferença significativa de 321 genes, além da presença dos genes *tet(45)*, *vanT-G* e *clbA*. A presença reduzida de ARGs no *B. velezensis* MT7 é um indicativo do reflexo do ambiente preservado do qual as amostras foram coletadas, sendo associada a menor impacto antrópico e maior estabilidade ecológica (Tavares *et al.*, 2025). Entende-se também que bactérias com poucos ARGs são preferíveis para uso em biofertilizantes, controle biológico e outras aplicações, pois reduzem o risco de disseminação de resistência no ambiente e na cadeia alimentar.

Tabela 09. Relatório de Identificação de Genes de Resistência CARD.

ORF_ID	Start / Stop	Strand	ARO name	Classe de drogas	Mecanismo de resistência	Antibiótico
--------	--------------	--------	----------	------------------	--------------------------	-------------

contig00002	620,865 - 621,218	-	qacJ	disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux	benzalkonium chloride
contig00003	105,905 - 107,281	+	tet(45)	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux	tetracycline
contig00003	241,615 - 242,796	-	vanT gene in vanG cluster	glycopeptide antibiotic	antibiotic target alteration	vancomycin
contig00003	574,037 - 574,855	+	vanY gene in vanB cluster	glycopeptide antibiotic	antibiotic target alteration	vancomycin
contig00004	175,124 - 176,293	+	vanT gene in vanG cluster	glycopeptide antibiotic	antibiotic target alteration	vancomycin
contig00004	242,341 - 243,390	+	clbA	lincosamide antibiotic; streptogramin antibiotic; streptogramin A antibiotic; oxazolidinone antibiotic; phenicol antibiotic; pleuromutilin antibiotic	antibiotic target alteration	lincomycin; clindamycin; azidamfenicol; chloramphenicol; thiamphenicol; virginiamycin M1; tiamulin; madumycin II; griseoviridin; dalfopristin
contig00006	91,513 - 91,935	-	FosBx1	phosphonic acid antibiotic	antibiotic inactivation	fosfomycin
contig00006	166,391 - 167,305	+	BcI	cephalosporin; penem	antibiotic inactivation	-

Legenda: (-) Antibiótico não encontrado

Foi encontrado apenas uma estrutura CRISPR no genoma do *B. velezensis* MT7 (Tab. 10), no entanto a matriz prevista corresponde à sequência de consenso com nível de evidência 1 (potencialmente inválido), sendo então desconsideradas. Resultados parecidos ocorreu no

trabalho de Bin Hafeez e colaboradores (2024), no qual oito matrizes CRISPR previstas foram desconsideradas por serem potencialmente inválidas no genoma de três cepas de *Bacillus*.

Tabela 10. Caracterização dos elementos móveis CRISPR do *Bacillus velezensis* MT7.

CRISPR					
Contigs	Id/Cas Type	Start	End	Crispr_length	DR_length
contig00105	CRISPR	1	95	94	23
contig00013	cas3_TypeI, cas3_TypeI	-	-	-	-

5.7.3 Predição de genes biossintéticos para metabólitos secundários

A ferramenta antiSMASH é amplamente utilizado para identificar, anotar e analisar clusters de genes biossintéticos (BGCs) responsáveis pela produção de metabólitos secundários em genomas de bactérias, fungos e arqueias. Esses metabólitos incluem antibióticos, antifúngicos, anticancerígenos e outros compostos bioativos de interesse farmacêutico e agrícola (Blin *et al.*, 2025).

Pela análise do antiSMASH, com o rigor de detecção estrito, detectou-se 15 grupos de metabólitos secundários, clusters de genes biossintéticos, no genoma do *B. velezensis* MT7 (Tab. 11). Esses agrupamentos abrangem oito clusters que codificam NRPS (*Non-Ribosomal Peptide Synthetases*), cinco clusters que codificam transAT-PKS (*trans-Acyltransferase Polyketide Synthases*), dois clusters envolvidos na biossíntese de terpenos, dois clusters de T3PKS (*Type III Polyketide Synthases*) e apenas um cluster de codificação para os genes NRP-metallophore (*Non-ribosomal peptide metallophores*), betalactone (*Beta-lactone containing protease inhibitor*), lanthipeptide class II (*Class II lanthipeptides like mutacin II*) e lanthipeptide class III (*Class III lanthipeptides like labyrinthopeptin*).

Tabela 11. Clusters de genes biossintéticos encontrados no *Bacillus velezensis* MT7.

Contigs	Clusters	Tipo	De	Para	Cluster conhecido mais semelhante	Confiância de similaridade
Contig00001	Cluster 1	Outro	203,533	244,951	bacilysin	Alto
	Cluster 2	NRP-metalóforo, NRPS	759,132	810,867	bacillibactin	Alto
Contig00002	Cluster 3	transAT-PKS	217,133	305,339	macrolactin H	Alto
	Cluster 4	transAT-PKS, T3PKS, NRPS	524,040	634,163	bacillaene	Alto

Contig00003	Cluster 5	NRPS, transAT-PKS, betalactona	690,389	778,020	fengycin	Alto
	Cluster 6	transAT-PKS	267,060	373,223	difficidin	Alto
	Cluster 7	T3PKS	488,718	529,818	-	-
	Cluster 8	Terpeno	598,502	620,385	-	-
Contig00004	Cluster 9	NRPS	642,940	680,954	plipastatin	Baixo
	Cluster 10	NRPS	12,555	77,962	surfactin	Alto
Contig00006	Cluster 11	Terpeno	62,358	83,098	-	-
	Cluster 12	Lantipeptídeo-classe-II	200,053	228,942	-	-
Contig00010	Cluster 13	NRPS, transAT-PKS	1	46,649	-	-
Contig00015	Cluster 14	lantipeptídeo-classe-iii, NRPS	1	36,642	andalusicin A/andalusicin B	Alto
Contig00023	Cluster 15	NRPS	1	9,329	-	-

Legenda: (-) valor não informado.

Importantes moléculas com aplicações biotecnológicas contra agentes fitopatogênicos foram encontradas nos clusters do *B. velezensis* MT7 (Tab. 11), como os lipopeptídeos de surfactina (cluster 10) e fengicina (cluster 5) que podem ser responsáveis pela eliciação do fenômeno de resistência sistêmica induzida (ISR) em plantas (Ongena *et al.*, 2007). A resistência sistêmica induzida (ISR), estimulada pelos metabólitos secundários presentes nos clusters 5 e 10 do *B. velezensis* MT7 podem desencadear mecanismos fisiológicos internos no vegetal que elevam sua capacidade de se defender contra patógenos ou estresses, promovendo uma resposta protetora na planta. A difficidina (cluster 6), o policetídeo e o dipeptídeo antimicrobiano bacilysina (cluster 1) são os princípios ativos associados a supressão de bactérias patogênicas de plantas, suprimindo por exemplo o fogo bacteriano, doença causada pela *Erwinia amylovora* em macieiras e pereiras (Chen *et al.*, 2009). O lipopeptídeo cíclico plipastatina (cluster 9) é considerado uma molécula antifúngica, possuindo mecanismo antagônico contra *Fusarium graminearum* (Gong *et al.*, 2015).

5.7.4 Base genética para a atividade promotora do crescimento vegetal

O genoma da cepa MT7 apresenta diversos genes que codificam proteínas potencialmente associadas à promoção do crescimento vegetal, ilustrada na tabela 12. Dentre estes, foram identificados os genes *trp* (*trpE*, *trpD*, *trpA* e *trpB*) envolvidos na biossíntese de triptofano e os genes *ysnE* e *dhaS* que são homólogos aos genes envolvidos na biossíntese do AIA. No trabalho de Idris e colaboradores (2007), no qual estudou esses genes, indicou que a síntese dependente de Trp de auxinas e a promoção do crescimento das plantas estão funcionalmente relacionadas em *B. amyloliquefaciens*.

As poliaminas (PAs) são bases nitrogenadas alifáticas de baixo peso molecular contendo dois ou mais grupos amino, sendo a espermidina uma molécula pertencente à classe das poliaminas, compostos orgânicos essenciais encontrados em praticamente todos os organismos vivos. No trabalho de Xie e colaboradores (2014), verificou que a espermidina é o principal composto promotor do crescimento das plantas, no qual o gene *speB* (que codifica a agmatinase), também encontrado no genoma MT7, estão envolvidos na secreção ou síntese dessa poliamina em *B. subtilis* OKB105.

Certas rizobactérias promotoras de crescimento de plantas (PGPR), na ausência de contato físico com uma planta, estimulam o crescimento por meio de emissões de VOC, como os compostos orgânicos voláteis de alguns *B. velezensis*, que mostraram desencadear a promoção do crescimento em *Arabidopsis*, regulando a homeostase da auxina (Zhang *et al.*, 2007). No genoma MT7 (Tab. 12) teve a presença de alguns genes que codificam proteínas envolvidas na produção do composto volátil (VOC) 3-hidroxi-2-butanona, como acetolactato descarboxilase (*alsD*), alfa-acetolactato sintase (*ilvB*), acetoína desidrogenase (*acuC*) e 2,3-butanodiol desidrogenase (*bdhA*), os mesmos encontrados no genoma do *B. velezensis* Q-426, no trabalho de Wang e colaboradores (2023).

A cepa *B. velezensis* MT7 possui 12 genes envolvidos na formação, desenvolvimento e regulação do biofilme, sendo os mesmos encontrados no genoma de *B. velezensis* HNA3 (Zaid *et al.*, 2022), bem como os mesmos genes de regulação de destino celular YmcA (*ymcA*), zillo- inositol 2-desidrogenase NADP (+) (*iolU*) e regulador da matriz extracelular (*slrR*) do *B. velezensis* Q-426 (Wang *et al.*, 2023).

A trealose é um soluto compatível que aumenta a tolerância ao estresse em microrganismos e plantas, melhorando a sobrevivência das plantas sob seca e salinidade, e a maioria da trealose usada pelas plantas é produzida por bactérias promotoras do crescimento das plantas (Onwe *et al.*, 2022). No genoma MT7 foram encontrados os genes *treP*, *treA* e *treR* associados a biossíntese de trealose, e a produção desse hormônio está implicado na promoção

do crescimento das plantas e no aumento da tolerância das plantas a diversos estresses ambientais.

Os fatores, como solubilização de fósforo, fixação e metabolismo do nitrogênio e assimilação do potássio, também foram fatores-chave que diretamente promovem o crescimento das plantas (Su *et al.*, 2023). Em relação à assimilação de minerais, o genoma MT7 revelou a presença de 24 genes, sendo 13 genes da fosfatase envolvidos na solubilização do fósforo, 4 genes na assimilação de potássio e 7 genes envolvidos na fixação e no metabolismo do nitrogênio.

Tabela 12. Genes detectados no genoma de *B. velezensis* MT7 envolvidos na atividade promotora do crescimento de plantas.

Contig	From	To	Strand	Nome do gene	Produto
Genes envolvidos na produção de ácido indol-acético (IAA)					
contig00003	610482	611969	-1	<i>dhaS</i>	Aldeído desidrogenase putativo
contig00001	179119	179577	1	<i>ysnE</i>	N-acetiltransferase
contig00001	284713	285669	1	<i>ywkB</i>	Portador de efluxo de auxina
contig00003	454491	455288	1	<i>trpA</i>	Cadeia alfa da triptofano sintase
contig00003	453296	454498	1	<i>trpB</i>	Cadeia beta da triptofano sintase
contig00003	452662	453315	1	<i>trpF</i>	Fosforibosil antranilato isomerase
contig00003	451905	452657	1	<i>trpC</i>	Indol-3-glicerol fosfato sintase
contig00003	450896	451912	1	<i>trpD</i>	Antranilato fosforibosil transferase
contig00003	449377	450924	1	<i>trpE</i>	Componente I da antranilato sintase
contig00003	556870	558021	1	<i>phytase</i>	Mineralizar enzima de fósforo orgânico
Genes envolvidos na produção de espermidina e poliamina					
contig00002	614297	615508	-1	<i>pksS</i>	Citocromo P450 para biossíntese de policetídeos
contig00001	244542	245372	1	<i>speE</i>	Espermidina sintase, metabolismo da poliamina
contig00002	297549	299021	-1	<i>speA_1</i>	Arginina descarboxilase
contig00013	51233	52666	-1	<i>speA_2</i>	Arginina descarboxilase
contig00001	245432	246304	1	<i>speB</i>	Agmatinase
contig00005	171349	171729	1	<i>speH</i>	Proenzima S-adenosilmetionina descarboxilase
contig00001	729723	730829	1	<i>msmX</i>	Sistemas de transporte de espermidina do tipo ABC
Genes envolvidos na produção de compostos voláteis (VOC)					
contig00001	374405	375172	1	<i>alsD</i>	Acetolactato descarboxilase
contig00005	239276	241000	1	<i>ilvB</i>	Acetolactato sintase
contig00001	371567	372475	-1	<i>alsR</i>	Regulador transcricional
contig00016	27413	28453	-1	<i>bdhA</i>	2,3-butanodiol desidrogenase
contig00005	95796	96962	-1	<i>acuC</i>	Acetoína desidrogenase
contig00001	372629	374344	1	<i>alsS</i>	Acetolactato sintase
Genes envolvidos na formação, desenvolvimento e regulação do biofilme					
contig00002	327457	327906	1	<i>ylbF</i>	Controla o desenvolvimento do biofilme
contig00002	535654	536085	1	<i>ymcA</i>	Desenvolvimento de biofilme

contig00018	8291	9277	-1	<i>iolU</i>	Cillo-inositol 2-desidrogenase (NADP+) envolvida na proteína de formação de biofilme
contig00001	531699	532154	-1	<i>slrR</i>	Regulador mestre para formação de biofilme
contig00012	11789	12442	1	<i>cysE</i>	Proteína serina O-acetiltransferase para o metabolismo microbiano em diversos ambientes Formação de biofilme
contig00002	623570	623791	1	<i>hfq</i>	Proteína do fator I do hospedeiro para detecção de quorum Formação de biofilme
contig00003	490624	491130	1	<i>crr</i>	Componente IIA específico do açúcar para a formação de biofilme
contig00003	449377	450924	1	<i>trpE</i>	Componente I da antranilato sintase para detecção de quorum Formação de biofilme
contig00003	206969	207310	-1	<i>SinR</i>	Regulador mestre para formação de biofilme
contig00005	14493	14966	1	<i>luxS</i>	S-ribosil homocisteína liase para detecção de quorum Formação de biofilme
contig00001	548422	549732	1	<i>rpoN</i>	Fator de RNA polimerase sigma-54 para formação de biofilme
contig00001	444234	444458	1	<i>csrA</i>	Regulador de armazenamento de carbono para formação de biofilme
Genes envolvidos na biossíntese de trealose					
contig00009	19161	20846	1	<i>treP</i>	Componente EIIBC específico para trealose do sistema PTS
contig00009	17670	19085	1	<i>treA</i>	Trealose-6-fosfato hidrolase
contig00009	20870	21586	1	<i>treR</i>	Regulador transcricional do tipo HTH
Genes da fosfatase preditados como envolvidos na solubilização de fósforo					
contig00010	64188	65939	1	<i>phoD</i>	Fosfatase alcalina D
contig00004	178775	179782	1	<i>rsbU</i>	Fosfoserina fosfatase
contig00004	181408	182010	1	<i>rsbX</i>	Fosfoserina fosfatase
contig00009	8998	9270	-1	<i>acylphosphatase</i>	-
contig00009	34386	34859	1	<i>yfkJ</i>	Tirosina-fosfatase
contig00007	48890	49579	1	<i>yhcW</i>	Fosfatase putativa
contig00007	68083	69462	-1	<i>phoA</i>	Fosfatase alcalina 4
contig00006	135016	135591	-1	<i>yjbK</i>	Trifosfatase putativa
contig00006	138508	139257	-1	<i>prpE</i>	Bis (5'-nucleosil) -tetrafosfatase
contig00002	300695	301492	1	<i>suhB</i>	Inositol-1-monofosfatase
contig00002	408172	408933	1	<i>prpC</i>	Proteína fosfatase
contig00003	410807	411529	1	<i>resD</i>	Síntese de fosfatase alcalina proteína reguladora transcricional
contig00005	159600	160319	1	<i>phoP</i>	Síntese de fosfatase alcalina proteína reguladora transcricional
Genes envolvidos na assimilação do potássio					
contig00007	109086	110300	-1	<i>khtU</i>	Subunidade antiportadora K(+)/H(+)
contig00003	39159	39656	1	<i>khtT_1</i>	Subunidade antiportadora K(+)/H(+)
contig00002	229316	229981	1	<i>ktrC</i>	Sistema Ktr de absorção de potássio proteína C
contig00014	36104	37090	-1	<i>yugO</i>	Proteína suposta do canal de potássio
Genes envolvidos na fixação e no metabolismo do nitrogênio					
contig00003	166445	167566	1	<i>nif3-like</i>	Proteína de fixação de nitrogênio Nif 3-like
contig00012	10027	11478	1	<i>gltX</i>	Glutamate-tRNA ligase
contig00004	22090	22410	-1	<i>nirD</i>	Subunidade pequena de redutase de nitrato (NADH)
contig00001	262187	262858	1	<i>narI</i>	Subunidade de redutase de nitrato respiratório

contig00001	260144	261607	1	<i>narH</i>	Subunidade beta/nitrato redutase
contig00001	252918	254108	1	<i>nark</i>	Transportador de nitrato
contig00010	46551	47801	-1	<i>gltP</i>	glutamato/aspartato: simportador de prótons GltP

Legenda: (-) não informado. (1) Fita no sentido direto. (-1) Fita no sentido reverso.

6 CONCLUSÃO

A bioprospecção em conjunto com a integração do sequenciamento do genoma completo, análise estrutural, genômica e anotação funcional permitiu revelar detalhes importantes sobre o perfil genético e funcional de *B. velezensis* MT7. Foi possível identificar genes de interesse em aplicações biotecnológicas.

Foi previsto 3798 genes codificadores de proteínas responsáveis por várias funções celulares. É importante ressaltar a alta similaridade genômica com a cepa *B. velezensis* FZB42, no entanto, apresentou uma sintenia com grandes variações na ordem dos genes ortólogos. Além disso, a anotação funcional destacou 107 regiões gênicas associadas a elementos genéticos móveis e 7 genes de resistência a antibióticos (ARGs).

O genoma MT7 abriga vários grupos de genes de biossíntese de metabólitos secundários, como a surfactina e fengicina que podem ser responsáveis pela resistência sistêmica induzida (ISR) em plantas, sendo assim, um forte candidato para uso em aplicações agrícolas, de biocontrole e biorremediação. Também foram observados a presença de 62 genes vinculados a promoção do crescimento das plantas, sendo 7 genes relacionados ao metabolismo e fixação de nitrogênio, 13 genes na solubilização de fósforo, 4 genes na assimilação do potássio, 3 genes envolvidos na biossíntese da trealose e 10 genes na produção de AIA, indicando características desejáveis para a produção de biofertilizantes, enfatizando a complexidade biológica da cepa e sua relevância industrial.

Pesquisas futuras devem priorizar a validação funcional das vias biossintéticas identificadas, avaliando sua expressão e eficiência em condições reais de uso agrícola, a fim de confirmar seu impacto sobre o desempenho das plantas e viabilizar inovações em agricultura sustentável e biotecnologia.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABANG, Sariah et al. Bioplastic classifications and innovations in antibacterial, antifungal, and antioxidant applications. **Journal of Bioresources and Bioproducts**, v. 8, n. 4, p. 361-387, 2023.
- ABDUL KHALIL, H. P. S. et al. Insights into the potential of biopolymeric aerogels as an advanced soil-fertilizer delivery systems. **Gels**, v. 9, n. 8, p. 666, 2023.
- ACHARJEE, Shiva Aley et al. PHA-based bioplastic: a potential alternative to address microplastic pollution. **Water, Air, & Soil Pollution**, v. 234, n. 1, p. 21, 2023.
- ADENIJI, Adetomiwa A.; LOOTS, Du T.; BABALOLA, Olubukola O. *Bacillus velezensis*: phylogeny, useful applications, and avenues for exploitation. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 103, n. 9, p. 3669-3682, 2019.
- ALCOCK, Brian P. et al. CARD 2023: expanded curation, support for machine learning, and resistome prediction at the Comprehensive Antibiotic Resistance Database. **Nucleic acids research**, v. 51, n. D1, p. D690-D699, 2023.
- ALFARO-NÚÑEZ, Alonzo et al. Microplastic pollution in seawater and marine organisms across the Tropical Eastern Pacific and Galápagos. **Scientific reports**, v. 11, n. 1, p. 6424, 2021.
- ALNAIMAT, Sulaiman M. et al. Genomic insights into the taxonomic status and bioactive gene cluster profiling of *Bacillus velezensis* RVMD2 isolated from desert rock varnish in Ma'an, Jordan. **PLoS One**, v. 20, n. 4, p. e0319345, 2025.
- ALTSCHUL, Stephen F. et al. Basic local alignment search tool. **Journal of molecular biology**, v. 215, n. 3, p. 403-410, 1990.
- BABRAHAM BIOINFORMATICS. FastQC: A Quality Control tool for High Throughput Sequence Data. 2010. Disponível em: <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>. Acesso em: 29 set. 2025.
- BANKEVICH, Anton et al. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. **Journal of Computational Biology**, v. 19, n. 5, p. 455-477, 2012.
- BARANWAL, Jaya et al. Biopolymer: A sustainable material for food and medical applications. **Polymers**, v. 14, n. 5, p. 983, 2022.

- BASTOS, Valéria Delgado. Biopolímeros e polímeros de matérias-primas renováveis alternativos aos petroquímicos. 2007.
- BIN HAFEEZ, Ahmer et al. In silico safety assessment of bacillus isolated from polish bee pollen and bee bread as novel probiotic candidates. **International journal of molecular sciences**, v. 25, n. 1, p. 666, 2024.
- BLIN, Kai et al. antiSMASH 8.0: extended gene cluster detection capabilities and analyses of chemistry, enzymology, and regulation. **Nucleic acids research**, p. gkaf334, 2025.
- BOUTERAA, Mohamed T. et al. Functional Analysis of Durum Wheat GAS1 Protein as a Biotechnological Alternative Against Plant Fungal Pathogens and a Positive Regulator of Biotic Stress Defense. **Plants**, v. 14, n. 1, p. 112, 2025.
- BROWN, Connor L. et al. mobileOG-db: a manually curated database of protein families mediating the life cycle of bacterial mobile genetic elements. **Applied and environmental microbiology**, v. 88, n. 18, p. e00991-22, 2022.
- BUSINESSWIRE. Global polyhydroxyalkanoate (PHA) market (2020 to 2025) - increasing scope in end-use segments presents opportunities - ResearchAndMarkets.com.Businesswire, 11 fev. 2021. Acesso em 10 de Dez de 2025.
- CALERO, Rolando. Obtención de polihidroxialcanoatos (PHA) a partir de cultivos mixtos microbianos usando efluentes ricos en ácidos grasos volátiles como sustrato. **Revista Científica y Tecnológica UPSE**, v. 2, n. 1, p. 09-16, 2014.
- CAMACHO, Christiam et al. BLAST+: architecture and applications. **BMC bioinformatics**, v. 10, n. 1, p. 421, 2009.
- CÁNOVAS, Verónica et al. Analysis of polyhydroxyalkanoates granules in *Haloferax mediterranei* by double-fluorescence staining with Nile Red and SYBR Green by confocal fluorescence microscopy. **Polymers**, v. 13, n. 10, p. 1582, 2021.
- CAO, Yu et al. Antagonism of two plant-growth promoting *Bacillus velezensis* isolates against *Ralstonia solanacearum* and *Fusarium oxysporum*. **Scientific reports**, v. 8, n. 1, p. 4360, 2018.
- CHEN, Inês; DUBNAU, David. DNA uptake during bacterial transformation. **Nature Reviews Microbiology**, v. 2, n. 3, p. 241-249, 2004.

- CHEN, Xiao-Hua et al. Difficidin and bacilysin produced by plant-associated *Bacillus amyloliquefaciens* are efficient in controlling fire blight disease. **Journal of biotechnology**, v. 140, n. 1-2, p. 38-44, 2009.
- CHOWDHURY, Soumitra P. et al. Cyclic lipopeptides of *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *plantarum* colonizing the lettuce rhizosphere enhance plant defense responses toward the bottom rot pathogen *Rhizoctonia solani*. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 28, n. 9, p. 984-995, 2015.
- COUVIN, David et al. CRISPRCasFinder, an update of CRISPRfinder, includes a portable version, enhanced performance and integrates search for Cas proteins. **Nucleic acids research**, v. 46, n. W1, p. W246-W251, 2018.
- DE OLIVEIRA, Ana C. F. M. et al. A metabologenomics approach reveals the unexplored biosynthetic potential of bacteria isolated from an Amazon Conservation Unit. **Microbiology Spectrum**, v. 13, n. 1, p. e00996-24, 2025.
- EL-RAYES, Nesreen; CHANG, Aichih; SHI, Jim. Plastic management and sustainability: A data-driven study. **Sustainability**, v. 15, n. 9, p. 7181, 2023.
- ERCOLE, Tairine G. et al. Diversity of maize (*Zea mays* L.) rhizobacteria with potential to promote plant growth. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 52, n. 4, p. 1807-1823, 2021.
- ERCOLE, Tairine G. et al. Co-inoculation of *Bacillus velezensis* and *Stenotrophomonas maltophilia* strains improves growth and salinity tolerance in maize (*Zea mays* L.). **Rhizosphere**, v. 27, p. 100752, 2023.
- FIERER, Noah; WOOD, Stephen A.; DE MESQUITA, Clifton P. B. How microbes can, and cannot, be used to assess soil health. **Soil biology and biochemistry**, v. 153, p. 108111, 2021.
- FLÓREZ, María; CAZÓN, Patricia; VÁZQUEZ, Manuel. Selected biopolymers' processing and their applications: A review. **Polymers**, v. 15, n. 3, p. 641, 2023.
- GARCÍA-FRAILE, Paula; MENÉNDEZ, Esther; RIVAS, Raúl. Role of bacterial biofertilizers in agriculture and forestry. **Aims Bioengineering**, v. 2, n. 3, p. 183-205, 2015.
- GETACHEW, Anteneh; WOLDESENBET, Fantahun. Production of biodegradable plastic by polyhydroxybutyrate (PHB) accumulating bacteria using low cost agricultural waste material. **BMC research notes**, v. 9, n. 1, p. 509, 2016.

- GEYER, Roland; JAMBECK, Jenna R.; LAW, Kara Lavender. Production, use, and fate of all plastics ever made. **Science advances**, v. 3, n. 7, p. e1700782, 2017.
- GONG, An-Dong et al. Antagonistic mechanism of iturin A and plipastatin A from *Bacillus amyloliquefaciens* S76-3 from wheat spikes against *Fusarium graminearum*. **PloS one**, v. 10, n. 2, p. e0116871, 2015.
- GOSWAMI, Dweipayan; THAKKER, Janki N.; DHANDHUKIA, Pinakin C. Portraying mechanics of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR): a review. **Cogent Food & Agriculture**, v. 2, n. 1, p. 1127500, 2016.
- GRANT, Jason R. et al. Proksee: in-depth characterization and visualization of bacterial genomes. **Nucleic acids research**, v. 51, n. W1, p. W484-W492, 2023.
- GROVER, Minakshi et al. PGPR mediated alterations in root traits: way toward sustainable crop production. **Frontiers in Sustainable Food Systems**, v. 4, p. 618230, 2021.
- GUICHERD, M. et al. An engineered enzyme embedded into PLA to make self-biodegradable plastic. **Nature**, v. 631, n. 8022, p. 884-890, 2024.
- HABITZREUTER, Filipe et al. Biopolímeros, processamento e aplicações. **Nanotecnologia aplicada a polímeros**, p. 91-132, 2022.
- HACHISUKA, Shin-Ichi et al. Isolation and characterization of polyhydroxyalkanoate-degrading bacteria in seawater at two different depths from Suruga Bay. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 89, n. 11, p. e01488-23, 2023.
- HONG, Karl et al. Screening and characterization of polyhydroxyalkanoate granules, and phylogenetic analysis of polyhydroxyalkanoate synthase gene PhaC in cyanobacteria. **Journal of phycology**, v. 57, n. 3, p. 754-765, 2021.
- HYATT, Doug et al. Prodigal: prokaryotic gene recognition and translation initiation site identification. **BMC bioinformatics**, v. 11, n. 1, p. 119, 2010.
- IDRIS, ElSorra E. et al. Tryptophan-dependent production of indole-3-acetic acid (IAA) affects level of plant growth promotion by *Bacillus amyloliquefaciens* FZB42. **Molecular plant-microbe interactions**, v. 20, n. 6, p. 619-626, 2007.

- JAIN, Chirag et al. High throughput ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries. **Nature communications**, v. 9, n. 1, p. 5114, 2018.
- JIANG, Chun-Hao et al. *Bacillus velezensis*, a potential and efficient biocontrol agent in control of pepper gray mold caused by *Botrytis cinerea*. **Biological Control**, v. 126, p. 147-157, 2018.
- KESHMIRSHEKAN, Abolfazl; DE SOUZA MESQUITA, Leonardo M.; VENTURA, Sónia PM. Biocontrol manufacturing and agricultural applications of *Bacillus velezensis*. **Trends in Biotechnology**, v. 42, n. 8, p. 986-1001, 2024.
- KHALID, Fatima et al. Potential of *Bacillus velezensis* as a probiotic in animal feed: a review. **Journal of Microbiology**, v. 59, n. 7, p. 627-633, 2021.
- KIM, Min Soo et al. A review of biodegradable plastics: chemistry, applications, properties, and future research needs. **Chemical reviews**, v. 123, n. 16, p. 9915-9939, 2023.
- KOLBE, Diana L.; EDDY, Sean R. Fast filtering for RNA homology search. **Bioinformatics**, v. 27, n. 22, p. 3102-3109, 2011.
- KOLLER, Martin; RODRÍGUEZ-CONTRERAS, Alejandra. Techniques for tracing PHA-producing organisms and for qualitative and quantitative analysis of intra-and extracellular PHA. **Engineering in Life Sciences**, v. 15, n. 6, p. 558-581, 2015.
- KOLLER, Martin; MUKHERJEE, Anindya. Polyhydroxyalkanoates (PHAs)—production, properties, and biodegradation. **Biodegradable polymers in the circular plastics economy**, p. 145-204, 2022.
- KONSTANTINIDIS, Konstantinos T.; TIEDJE, James M. Genomic insights that advance the species definition for prokaryotes. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 102, n. 7, p. 2567-2572, 2005.
- KROGH, Susanne; JØRGENSEN, Steen T.; DEVINE, Kevin M. Lysis genes of the *Bacillus subtilis* defective prophage PBSX. **Journal of bacteriology**, v. 180, n. 8, p. 2110-2117, 1998.
- KRUEGER, F. (2021). Trim Galore. In GitHub repository. **GitHub**.
<https://github.com/FelixKrueger/TrimGalore.com/fenderglass/Flye>.

- KUMAR, Rakesh et al. Impacts of plastic pollution on ecosystem services, sustainable development goals, and need to focus on circular economy and policy interventions. **Sustainability**, v. 13, n. 17, p. 9963, 2021.
- LAGESEN, Karin et al. RNAmmer: consistent and rapid annotation of ribosomal RNA genes. **Nucleic acids research**, v. 35, n. 9, p. 3100-3108, 2007.
- LASLETT, Dean; CANBACK, Bjorn. ARAGORN, a program to detect tRNA genes and tmRNA genes in nucleotide sequences. **Nucleic acids research**, v. 32, n. 1, p. 11-16, 2004.
- MALLYA, Sandeep et al. The complete genome sequences of *Bacillus velezensis* B26: a promising biocontrol agent and biofertilizer. **F1000Research**, v. 14, p. 170, 2025.
- MIKHEENKO, Alla et al. Versatile genome assembly evaluation with QUAST-LG. **Bioinformatics**, v. 34, n. 13, p. i142-i150, 2018.
- MIRAN, Naser et al. Predicting soil nutrient contents using Landsat OLI satellite images in rain-fed agricultural lands, northwest of Iran. **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 193, n. 9, p. 607, 2021.
- MORALES-JIMÉNEZ, Mónica et al. Bio-based polymeric membranes: development and environmental applications. **Membranes**, v. 13, n. 7, p. 625, 2023.
- MOSELA, Mirela et al. *Bacillus velezensis* strain Ag75 as a new multifunctional agent for biocontrol, phosphate solubilization and growth promotion in maize and soybean crops. **Scientific Reports**, v. 12, n. 1, p. 15284, 2022.
- NANDA, Sonil et al. Innovations in applications and prospects of bioplastics and biopolymers: a review. **Environmental Chemistry Letters**, v. 20, n. 1, p. 379-395, 2022.
- NEGRET, Larissa Marques; PLENZ, Kauanny Wictoria; PEREIRA, Rodrigo Matheus; BONFÁ, Maricy Raquel Lindenbah. Potencial biotecnológico do isolado *Priestia megaterium* cepa E1. **ARACÊ**, v. 7, n. 10, p. e8857, 2025. DOI: [10.56238/arev7n10-150](https://doi.org/10.56238/arev7n10-150). Disponível em: <https://periodicos.newsciencepubl.com/arace/article/view/8857>. Acesso em: 8 dez. 2025.
- OBEROI, Garima; GARG, Ankush. Single-use plastics: A roadmap for sustainability?. **Supremo Amicus**, v. 24, p. 585, 2021.

- OBRUČA, Stanislav et al. Polyhydroxyalkanoates synthesis by halophiles and thermophiles: towards sustainable production of microbial bioplastics. **Biotechnology Advances**, v. 58, p. 107906, 2022.
- ONGENA, Marc et al. Surfactin and fengycin lipopeptides of *Bacillus subtilis* as elicitors of induced systemic resistance in plants. **Environmental microbiology**, v. 9, n. 4, p. 1084-1090, 2007.
- ONWE, Reuben O. et al. Microbial trehalose boosts the ecological fitness of biocontrol agents, the viability of probiotics during long-term storage and plants tolerance to environmental-driven abiotic stress. **Science of the Total Environment**, v. 806, p. 150432, 2022.
- OYEWOLE, Oluwafemi Adebayo et al. Production of polyhydroxyalkanoate (pha) by *pseudomonas aeruginosa* (ol405443) using agrowastes as carbon source. **Cleaner Materials**, v. 11, p. 100217, 2024.
- PAN, Ieshita et al. Exploration of compost soil for the production of thermo-stable *Bacillus* protease to synthesize bioactive compounds through soy protein hydrolysis. **Agronomy**, v. 13, n. 4, p. 1019, 2023.
- PARK, Helen et al. PHA is not just a bioplastic!. **Biotechnology Advances**, v. 71, p. 108320, 2024.
- PARKS, Donovan H. et al. CheckM: assessing the quality of microbial genomes recovered from isolates, single cells, and metagenomes. **Genome research**, v. 25, n. 7, p. 1043-1055, 2015.
- PETERSEN, Thomas N. et al. SignalP 4.0: discriminating signal peptides from transmembrane regions. **Nature methods**, v. 8, n. 10, p. 785-786, 2011.
- POLMAN, Emma MN et al. Comparison of the aerobic biodegradation of biopolymers and the corresponding bioplastics: A review. **Science of the Total Environment**, v. 753, p. 141953, 2021.
- PREZOTTI, Luiz Carlos; GUARÇONI, A. M. Guia de interpretações de análise de solo e foliar. 2013.
- RABBEE, Muhammad Fazle; HWANG, Buyng-Su; BAEK, Kwang-Hyun. *Bacillus velezensis*: a beneficial biocontrol agent or facultative phytopathogen for sustainable agriculture. **Agronomy**, v. 13, n. 3, p. 840, 2023.

- RAHMAN, Md Zillur; KHATUN, M. Mahfuza; HOQUE, Md Enamul. Plastic waste to plastic value: Role of industrial biotechnology. In: **Biodegradability of Conventional Plastics**. Elsevier, 2023. p. 339-360.
- RAMEZANI DANA, Hossein; EBRAHIMI, Farnoosh. Synthesis, properties, and applications of polylactic acid-based polymers. **Polymer Engineering & Science**, v. 63, n. 1, p. 22-43, 2023.
- RANKIN, Daniel J.; ROCHA, Eduardo PC; BROWN, Sam P. What traits are carried on mobile genetic elements, and why?. **Heredity**, v. 106, n. 1, p. 1-10, 2011.
- REICHENBERGER, Erin R. et al. Prokaryotic nucleotide composition is shaped by both phylogeny and the environment. **Genome biology and evolution**, v. 7, n. 5, p. 1380-1389, 2015.
- ROSSELLÓ-MORA, Ramon. Updating prokaryotic taxonomy. **Journal of bacteriology**, v. 187, n. 18, p. 6255-6257, 2005.
- RUIZ-GARCIA, Cristina et al. *Bacillus velezensis* sp. nov., a surfactant-producing bacterium isolated from the river Vélez in Málaga, southern Spain. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 55, n. 1, p. 191-195, 2005
- SCHWENGERS, Oliver et al. Bakta: rapid and standardized annotation of bacterial genomes via alignment-free sequence identification. **Microbial genomics**, v. 7, n. 11, p. 000685, 2021.
- SEEMANN, Torsten. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. **Bioinformatics**, v. 30, n. 14, p. 2068-2069, 2014.
- SEEMANN, T. Shovill: faster SPAdes assembly of Illumina reads. 2017.
- SHALEM, Adi; YEHEZKELI, Omer; FISHMAN, Ayelet. Enzymatic degradation of polylactic acid (PLA). **Applied microbiology and biotechnology**, v. 108, n. 1, p. 413, 2024.
- SHARMA, R. P. et al. Geospatial variability mapping of soil nutrients for site specific input optimization in a part of central India. **Agronomy Journal**, v. 114, n. 2, p. 1489-1499, 2022.
- SOUSA, Eduarda G. et al. The research on the identification, taxonomy, and comparative genomics analysis of nine *Bacillus velezensis* strains significantly contributes to

microbiology, genetics, bioinformatics, and biotechnology. **Frontiers in Microbiology**, v. 16, p. 1544934, 2025.

SU, Yuan et al. *Bacillus subtilis*: a universal cell factory for industry, agriculture, biomaterials and medicine. **Microbial cell factories**, v. 19, n. 1, p. 173, 2020.

SU, Zhenhe et al. Functional analyses of the *Bacillus velezensis* HMB26553 genome provide evidence that its genes are potentially related to the promotion of plant growth and prevention of cotton rhizoctonia damping-off. **Cells**, v. 12, n. 9, p. 1301, 2023.

Syme, Anna; Seemann, Torsten; Gladman, Simon. Genome annotation with Prokka. Slides do tutorial “Annotation with Prokka”, Galaxy Training Network. Disponível em: <https://training.galaxyproject.org/topics/genome-annotation/tutorials/annotation-with-prokka/slides-plain.html>. Acesso em: 09 nov. 2025.

TANG, Tao et al. *Bacillus velezensis* LT1: a potential biocontrol agent for southern blight on *Coptis chinensis*. **Frontiers in Microbiology**, v. 15, p. 1337655, 2024.

TANIZAWA, Yasuhiro; FUJISAWA, Takatomo; NAKAMURA, Yasukazu. DFAST: a flexible prokaryotic genome annotation pipeline for faster genome publication. **Bioinformatics**, v. 34, n. 6, p. 1037-1039, 2018.

TAVARES, Taynara C. S. et al. Characterization of antibiotic resistance genes in soils from agroecosystems of the Brazilian Amazon. **Frontiers in Microbiology**, v. 16, p. 1508157, 2025.

THE GALAXY COMMUNITY. The Galaxy platform for accessible, reproducible, and collaborative data analyses: 2024 update. **Nucleic Acids Research**, 2024. Disponível em: <https://galaxyproject.org/citing-galaxy/>. Acesso em: 01 out. 2025.

THOMAS, Christopher M.; NIELSEN, Kaare M. Mechanisms of, and barriers to, horizontal gene transfer between bacteria. **Nature reviews microbiology**, v. 3, n. 9, p. 711-721, 2005.

TRAN, Dinh Minh; NGUYEN, Thi Huyen; NGUYEN, Anh Dzong. Complete genome sequence data of chitin-degrading *Bacillus velezensis* RB. IBE29. **Data in Brief**, v. 51, p. 109815, 2023.

TRAPÉ, Daiana V.; LÓPEZ, Olivia V.; VILLAR, Marcelo A. Exploitation of Biomass to the Integrated Production of Bioethanol and Poly (hydroxyalkanoate) s. **BioEnergy Research**, v. 17, n. 1, p. 27-41, 2024.

- VOJNOVIC, Sandra et al. *Bacillus* and *Streptomyces* spp. as hosts for production of industrially relevant enzymes. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 108, n. 1, p. 185, 2024.
- WAN, Wenjie et al. Isolation and characterization of phosphorus solubilizing bacteria with multiple phosphorus sources utilizing capability and their potential for lead immobilization in soil. **Frontiers in Microbiology**, v. 11, p. 752, 2020.
- WANG, Lulu et al. Genomic and metabolomic insights into the antimicrobial compounds and plant growth-promoting potential of *Bacillus velezensis* Q-426. **BMC genomics**, v. 24, n. 1, p. 589, 2023.
- WEISSKOPF, Laure; SCHULZ, Stefan; GARBEVA, Paolina. Microbial volatile organic compounds in intra-kingdom and inter-kingdom interactions. **Nature Reviews Microbiology**, v. 19, n. 6, p. 391-404, 2021.
- WEISSMAN, Jake L.; FAGAN, William F.; JOHNSON, Philip LF. Linking high GC content to the repair of double strand breaks in prokaryotic genomes. **PLoS genetics**, v. 15, n. 11, p. e1008493, 2019.
- XIE, Shan-Shan et al. Plant growth promotion by spermidine-producing *Bacillus subtilis* OKB105. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 27, n. 7, p. 655-663, 2014.
- XIE, Yitong et al. Bio-based polymeric materials synthesized from renewable resources: A mini-review. **Resources Chemicals and Materials**, v. 2, n. 3, p. 223-230, 2023.
- YANG, Fan et al. Genome sequencing and analysis of *Bacillus velezensis* VJH504 reveal biocontrol mechanism against cucumber Fusarium wilt. **Frontiers in Microbiology**, v. 14, p. 1279695, 2023.
- YANG, Aimin et al. Review on the application of machine learning algorithms in the sequence data mining of DNA. **Frontiers in bioengineering and biotechnology**, v. 8, p. 1032, 2020.
- ZAID, Doaa S. et al. Comparative genome analysis reveals phylogenetic identity of *Bacillus velezensis* HNA3 and genomic insights into its plant growth promotion and biocontrol effects. **Microbiology Spectrum**, v. 10, n. 1, p. e02169-21, 2022.
- ZENG, Yaoying; YU, Qian; CHENG, Shujun. Effects of *Bacillus velezensis* zk1 on the physiology and metabolism of peaches. **International Journal of Food Science & Technology**, v. 57, n. 4, p. 2203-2215, 2022.

ZHANG, Huiming et al. Rhizobacterial volatile emissions regulate auxin homeostasis and cell expansion in Arabidopsis. **Planta**, v. 226, n. 4, p. 839-851, 2007.

ZHENG, Yi et al. Untargeted metabolomics elucidated biosynthesis of polyhydroxyalkanoate by mixed microbial cultures from waste activated sludge under different pH values. **Journal of Environmental Management**, v. 331, p. 117300, 2023.

APÊNDICE

Tabela 01. Análise básica do solo e micronutrientes. PH CaCl_2 (Cloreto de cálcio), PH H_2O (água), P (fósforo), K (potássio), Al (alumínio), Ca (cálcio), Mg (magnésio), H^+Al (Acidez potencial), pH SMP (solução tampão Shoemaker, McLean e Pratt), SB (Soma das bases), T (Capacidade de troca de cátions), V% (Saturação por bases), MO (Matéria orgânica), Cu (cobre), Mn (manganês), Fe (ferro) e Zn (zinco).

Micronutrientes	Valores
PH CaCl_2	3.66
PH H_2O	4.55
P (mg/dm^3)	0.39
K (cmolc/dm^3)	0.026
Al (cmolc/dm^3)	1.44
Ca (cmolc/dm^3)	0.17
Mg (cmolc/dm^3)	0.18
H^+Al (cmolc/dm^3)	3.06
pH SMP	6.56
SB (cmolc/dm^3)	0.38
T (cmolc/dm^3)	3.44
V%	11.1
MO (g/dm^3)	96.74
Cu (mg/dm^3)	0.42
Mn (mg/dm^3)	10.94
Fe (mg/dm^3)	76.8
Zn (mg/dm^3)	0