

## RESUMO - GENÉTICA DE MICRORGANISMOS

### IDENTIFICAÇÃO DE ISOLADOS DE BACILLUS SSP. COM ATIVIDADE NO CONTROLE BIOLÓGICO AGRÍCOLA

*João Rian Goes De Oliveira (joaoriang@gmail.com)*

*Gabrielli Juliana Ferrandin (gabrielli\_ferrandin@hotmail.com)*

*Carina Elisei De Oliveira (carinaelisei@ucdb.br)*

*Octavio Luiz Franco (4899@ucdb.br)*

*Rose Monnerat (Embrapa) (rose.monnerat@embrapa.br)*

*Marcelo Tavares De Castro (marceloengflorestal@gmail.com)*

*Maria Sueli Soares Felipe (msueli@p.com.br)*

*Daniel Alcântara (danielmxm@gmail.com)*

Bacillus subtilis, Bacillus pumilus e Bacillus safensis são reconhecidos por seu papel no controle biológico, devido à produção de compostos antifúngicos, antagonismo contra patógenos, promoção do crescimento vegetal e indução de resistência em plantas. A crescente demanda por produtos agrícolas mais sustentáveis e seguros tem impulsionado o uso de microrganismos benéficos como alternativa aos defensivos tradicionais. Este estudo objetiva caracterizar as regiões ribossomais (rDNA) de oito isolados bacterianos obtidos entre 2021 e 2025, a partir de solo de mata, agricultura orgânica e pó de rocha, no Distrito Federal e em Goiás. As amostras foram isoladas em meio TSA, incubadas a 28 °C por 72 horas. As colônias com morfologia compatível ao gênero Bacillus foram submetidas a choque térmico para seleção de esporulados. Os

morfortipos selecionados tiveram seu DNA extraído com o kit Extracta DNA Bactéria (Laborclin®), e avaliados por eletroforese em gel de agarose e espectrofotometria. O sequenciamento genômico foi realizado por meio da plataforma Oxford Nanopore (MinION Mk1B), seguido de montagem com os softwares Flye e Unicycler, avaliação de qualidade com QUAST e anotação funcional com Prokka. O genoma completo das espécies de *Bacillus* spp. de 3.840.175 pb, com conteúdo GC de 38,44%. Os genes ribossomais 5S, 16S e 23S apresentaram comprimentos em médio de 113 pb, 1572 pb e 2.670 pb, respectivamente. As sequências foram analisadas com o software Artemis e comparadas por BLASTn com o banco de dados do NCBI, e os isolados A1P2C2, SBB146 e SBB147 apresentaram 100% de identidade com *B. subtilis* (acesso NCBI: CP141997.1). Os isolados SBB156, SBB137 e SBB135 foram identificados como *B. safensis* (acesso NCBI: CP192519.1), enquanto os isolados SBB169 e SBB151 foram classificados como *B. pumilus* (acesso NCBI: CP154908.1), todos com alta identidade nas regiões analisadas. Conclui-se que os isolados pertencem a diferentes espécies do gênero *Bacillus*, sendo recomendada a avaliação de seu potencial antifúngico para aplicação no controle biológico na agricultura.

Palavras-chave: bacillus; controle biológico; sequenciamento genômico; sustentabilidade agrícola; rdna.