

GENÔMICA BIOSSINTÉTICA DE *Bacillus pumilus*: PROSPECÇÃO DE ANTIMICROBIANOS NA INTERFACE DA SAÚDE ÚNICA

OLIVEIRA, João¹; FERRANDIN, Gabrielli¹; ELISEI, Carina¹; MONNERAT, Rose²; AICANTARA, Daniel³; FRANCO, Octávio⁴; FELIPE, Maria⁴
ra194622@ucdb.br

RESUMO

A crescente demanda global por sistemas de produção agrícola sustentáveis tem impulsionado uma transição dos defensivos químicos convencionais para o uso de microrganismos promotores de crescimento e produtores de metabólitos secundários bioativos. Essa mudança paradigmática está intrinsecamente alinhada à abordagem de Saúde Única, ao promover o equilíbrio sistêmico entre a produtividade agrícola, a preservação da biodiversidade ambiental e a segurança alimentar humana. Neste cenário, a espécie *Bacillus pumilus* destaca-se por seu notável potencial de biocontrole, mediado pela síntese complexa de compostos antimicrobianos, como as Sintetases de Peptídeos Não Ribossômicos (NRPS), que atuam tanto no antagonismo direto a fitopatógenos, quanto na indução de resistência e promoção do crescimento vegetal. Este estudo realizou a mineração genômica detalhada de uma cepa de *B. pumilus* isolada de solo de mata, visando identificar clusters gênicos bio sintéticos (BGCs) com elevado potencial biotecnológico. O DNA genômico total foi extraído e sequenciado via Oxford Nanopore (MinION Mk1B), com montagem de genoma completo executado pelo Unicycler e Flye. A prospecção *in silico* foi conduzida na plataforma especializada antiSMASH, utilizando as ferramentas *Most Similar Known Cluster* e *MIBiG Comparison*. A análise revelou um arsenal bio sintético composto por 14 BGCs, abrangendo as classes NRPS, T1PKS, betalactonas, terpenos, elementos RRE, sideróforos e peptídeos RiPP-like. Identificou-se a capacidade codificadora para antimicrobianos de alta relevância, incluindo liquenisina, zwitermicina A, esquizoquinina, fengicina, bacilisina e bacilibactina. Notavelmente, oito clusters identificados não apresentaram correspondência direta nos bancos de dados globais, sugerindo a presença de novos andaimes moleculares ainda não catalogados. A caracterização desses BGCs inéditos não apenas corrobora a eficácia biotecnológica da linhagem, mas também viabiliza a prospecção de novos agentes antimicrobianos, essenciais para mitigar a crise global da resistência bacteriana e promover a resiliência dos ecossistemas na interface da Saúde Única.

Palavras-chave: Mineração Genômica; Clusters; AntiSmash; Bioinformática.

¹Universidade Católica Dom Bosco, Campo Grande, MS, Brasil.

²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, MS, Brasil.

³Fiocruz, Campo Grande, MS, Brasil.

⁴Universidade Católica de Brasília, Brasília, DF, Brasil.