

Identificação e caracterização de uma bactéria do gênero *Paenibacillus* com potencial para a promoção do crescimento de plantas.

Julia Heinzmann¹, Luciane M. P. Passaglia².

¹ Bolsista PIBIC/CNPq. E-mail: juliaheinzmann@hotmail.com ² Núcleo de Microbiologia Agrícola, Depto. Genética, UFRGS.

Introdução

Os *Paenibacillus* são bactérias aeróbias ou facultativamente anaeróbias e formadoras de endósporos de resistência ao estresse, encontrados em diversos ambientes. Muitas espécies podem promover diretamente o crescimento vegetal por meio da fixação biológica do nitrogênio atmosférico, produção de fitormônios e liberação de sideróforos para captação de ferro. Neste trabalho, três bactérias diazotróficas, isoladas da rizosfera de girassol (*Helianthus annuus*), foram avaliadas quanto a características bioquímicas, fenotípicas e genômicas para a descrição de uma nova espécie do gênero *Paenibacillus*.

Material e Métodos

Três isolados da rizosfera de girassol (P3E, P26E e P32E) foram comparados com linhagens-tipo de diferentes espécies de *Paenibacillus* quanto às seguintes características:

- análises bioquímicas e do perfil de ácidos graxos celulares;
- análise da fixação de nitrogênio (cromatografia gasosa) e excreção de amônia (espectrofotometria);
- coloração e visualização de esporos (microscopia de varredura e contraste de fase);
- sequenciamento e análises de genomas (ANI, OrthoANI e dDDH);
- análise filogenética do gene 16S rRNA e do core proteome.

Tabela 1. Características fenotípicas de 1, P26E^T; 2, P3E; 3, P32E; 4, *P. graminis* RSA19^T; 5, *P. jilunlii* Be17^T; 6, *P. riograndensis* SBR5^T; 7, *P. sonchi* X19-5^T; 8, *P. polymyxa* IAM 13419^T.

Phenotypic characters	1	2	3	4	5	6	7	8
Growth:								
3 % (w/v) NaCl	-	-	-	-	-	+	+	+
0.001 % (w/v) lysozyme	-	-	-	+	+	+	+	-
Hydrolysis of:								
Starch	+	+	+	+	-	+	-	+
Acid production from:								
Glycerol	-	+	+	+	+	+	+	+
Mannitol	-	+	+	+	+	+	+	+

Tabela 2. Comparações de genoma pareadas entre as linhagens P26E^T, P3E, P32E e seus parentes próximos. Valores acima do limiar de circunscrição das espécies estão em negrito.

Strains	P3E	P26E ^T	P32E	RSA 19 ^T	Be17 ^T	SBR5 ^T	X19-5 ^T
P3E	*	89.90	90.00	29.60	29.40	29.20	29.60
P26E ^T	98.79 (98.83)	*	90.40	29.50	29.40	29.10	29.50
P32E	98.79 (98.87)	98.84 (98.88)	*	29.50	29.30	29.10	29.40
<i>P. graminis</i> RSA19 ^T	84.45 (84.93)	84.37 (84.86)	84.46 (84.96)	*	51.6	47.6	51.6
<i>P. jilunlii</i> Be17 ^T	84.46 (84.87)	84.40 (84.90)	84.46 (84.95)	93.28 (93.50)	*	51.3	53.1
<i>P. sonchi</i> genomovar Riograndensis SBR5 ^T	84.10 (84.71)	84.00 (84.58)	84.04 (84.63)	92.07 (92.47)	93.05 (93.36)	*	73.2
<i>P. sonchi</i> genomovar Sonchi X19-5 ^T	84.22 (84.79)	84.18 (84.73)	84.18 (84.76)	92.27 (92.69)	93.50 (93.80)	96.66 (96.92)	*

dDDH >= 70%, ANI >= 95% e OrthoANI >= 95%

Resultados

Em testes realizados juntamente com a planta, os isolados foram capazes de aumentar o peso seco e o conteúdo de NPK da mesma, características pertencente à PGPRs (*Plant Growth Promoting Rhizobacteria*), bem como alto nível de excreção de amônia e atividade da nitrogenase. A ausência do crescimento em lizozima (0,001%) foi a principal característica diferencial entre os isolados de girassol e as linhagens-tipo mais próximas (Tabela 1). De acordo com a filogenia do gene 16S rRNA, os isolados foram agrupados em um clado distinto de outras espécies de *Paenibacillus* (Fig. 1). A esporulação foi induzida por anaerobiose e analisada por microscopia de contraste de fase e de varredura (Fig. 2). Considerando diferentes métricas taxogenômicas, as linhagens P26E^T, P3E e P32E apresentaram valores acima dos limiares de circunscrição entre espécies (Tabela 2), demonstrando que as linhagens não pertencem a espécies conhecidas de *Paenibacillus*. Em conclusão, a caracterização polifásica das linhagens P26E^T, P3E e P32E mostrou que são representantes de uma nova espécie do gênero *Paenibacillus* promotoras do crescimento vegetal.

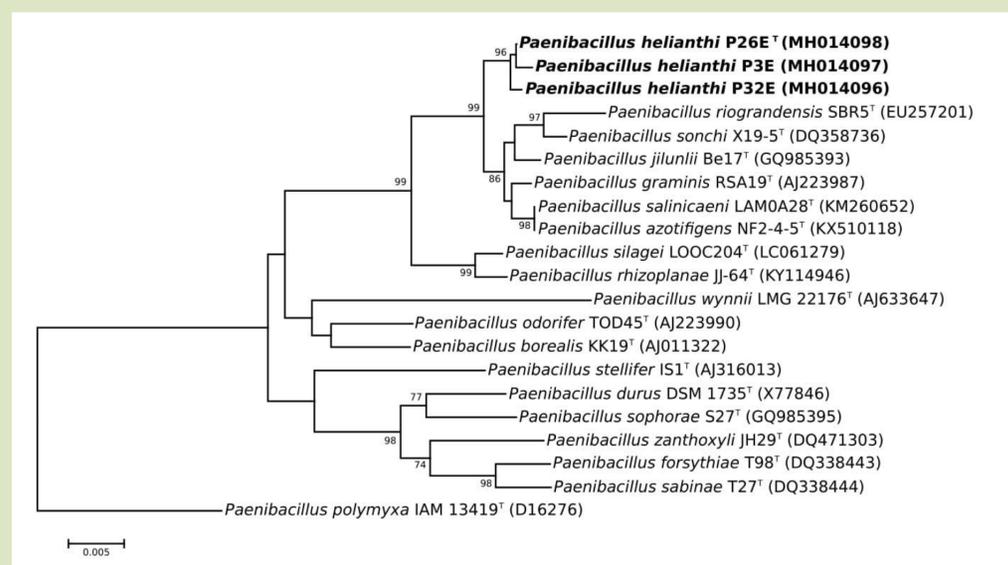


Fig. 1: Filogenia do gene 16S rRNA de *Paenibacillus* spp.

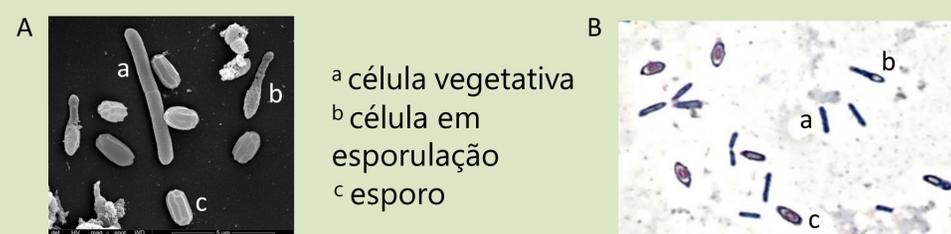


Fig. 2: Células vegetativas e endósporos da linhagem P26E^T, analisados em microscopia de varredura (A) e microscopia de contraste de fase (B).