

ANOTAÇÃO FUNCIONAL DE PROTEÍNAS HIPOTÉTICAS DOS SOROVARES *PAKISTANI* E *KURSTAKI* DE *BACILLUS THURINGIENSIS*: Ênfase na identificação de novos fatores de virulência



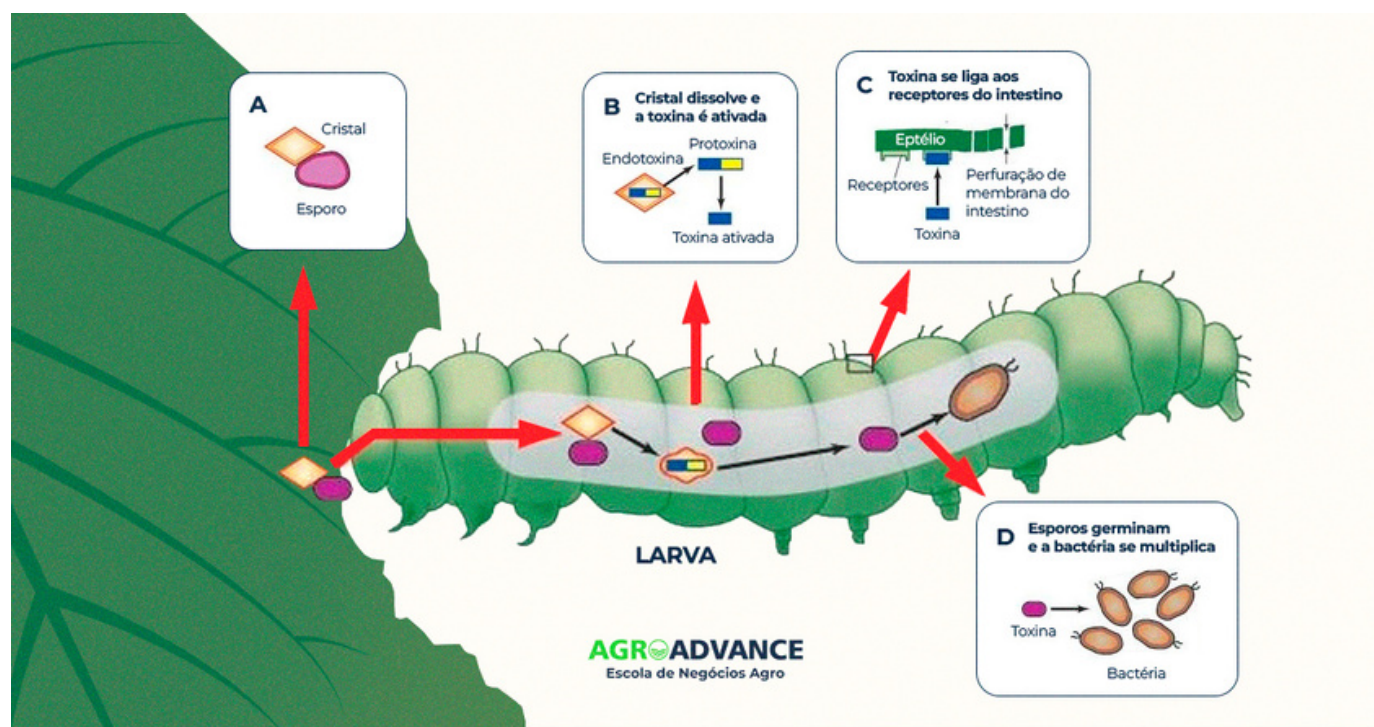
Maria Alice Peglow Dos Reis; Vilmar Machado (Orientador); Marcelo Rios Kwecko (coorientador)-
Instituto Federal Sul-rio-grandense, Campus Camaquã

INTRODUÇÃO

Bacillus thuringiensis (Bt) é uma bactéria que produz proteínas cristalinas com propriedades inseticidas específicas. Devido a essas características, é utilizada mundialmente como biopesticida, sendo uma alternativa ao uso de pesticidas químicos.

A partir da análise de dados disponíveis no NCBI (National Center for Biotechnology Information), observa-se que cerca de 30% das proteínas de *Bacillus thuringiensis* são hipotéticas, ou seja, apresentam funções ainda desconhecidas.

Figura 1: Representação esquemática do modo de ação de Bacillus thuringiensis.



Fonte: AgroAdvance

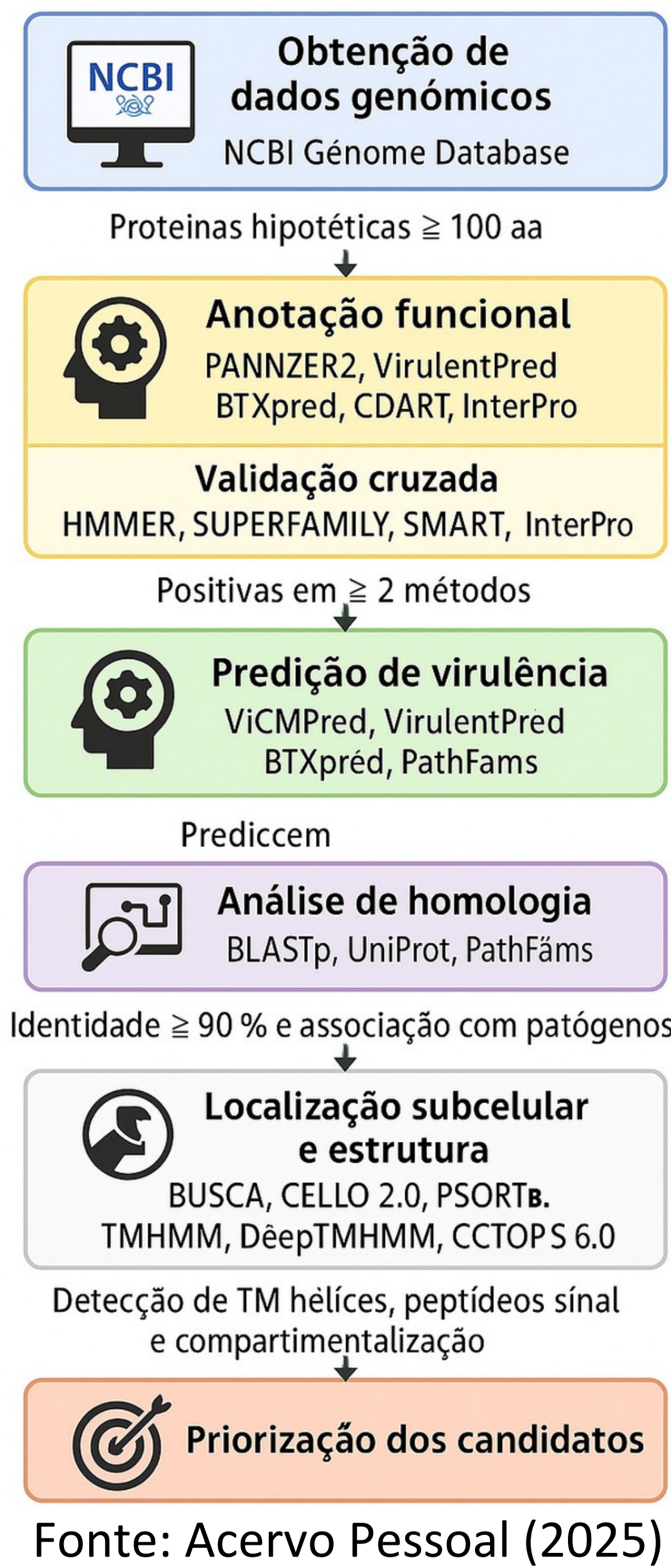
HIPÓTESE

Parte dessas proteínas pode possuir algum fator de virulência que possa aperfeiçoar os biopesticidas já existentes ou criar novos.

OBJETIVO

Analisar proteínas pouco conhecidas de três sorovares (*Pakistani*, *Kurstaki* e *Toumanoffi*) de Bt, utilizando ferramentas computacionais para investigar possíveis funções relacionadas à virulência.

METODOLOGIA

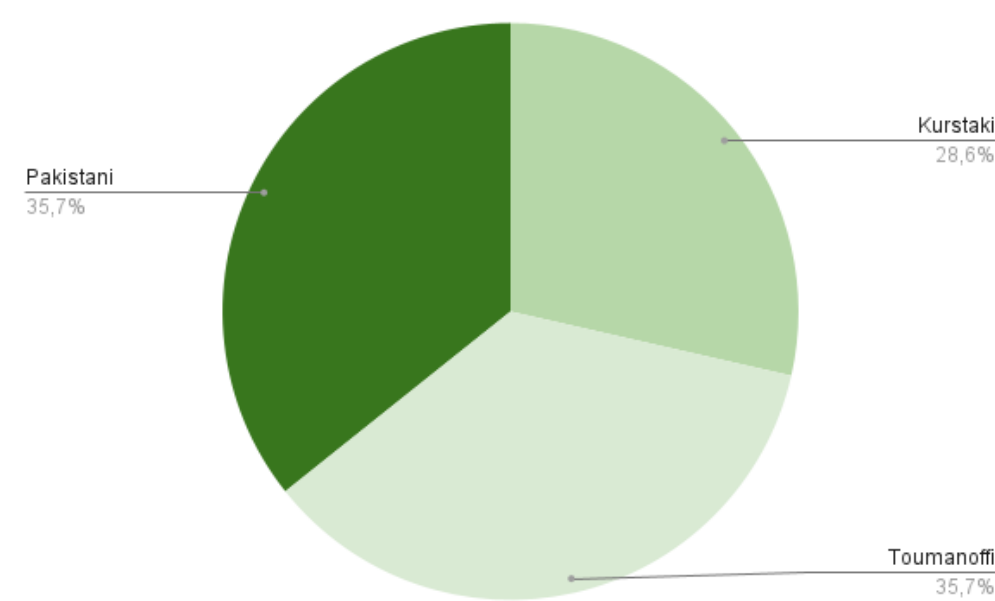


Fonte: Acervo Pessoal (2025)

RESULTADOS

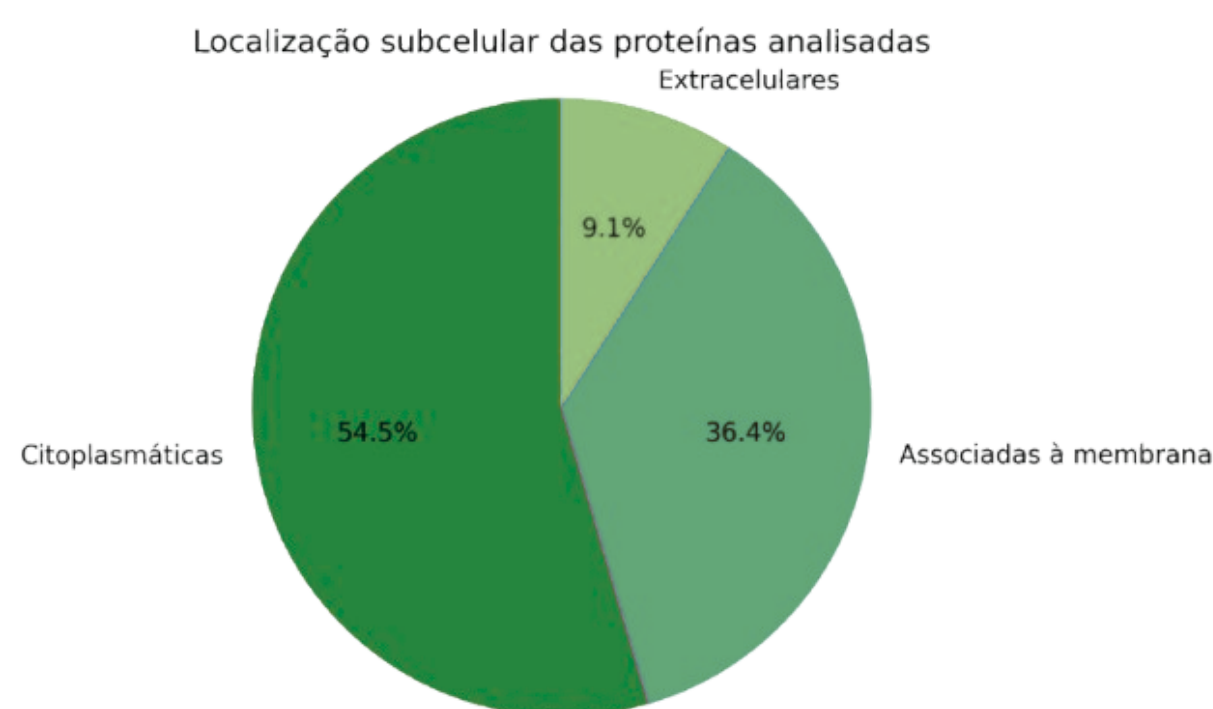
Foram identificadas 14 proteínas candidatas à virulência em linhagens de Bt, com domínios associados à patogenicidade, diferentes localizações celulares e enriquecimento em genomas de patógenos (Tabela 1; Figuras 2, 3 e 4).

Figura 2: Distribuição das proteínas nos três sorovares de Bt



Fonte: Acervo Pessoal (2025)

Figura 3: Localização subcelular das proteínas analisadas.



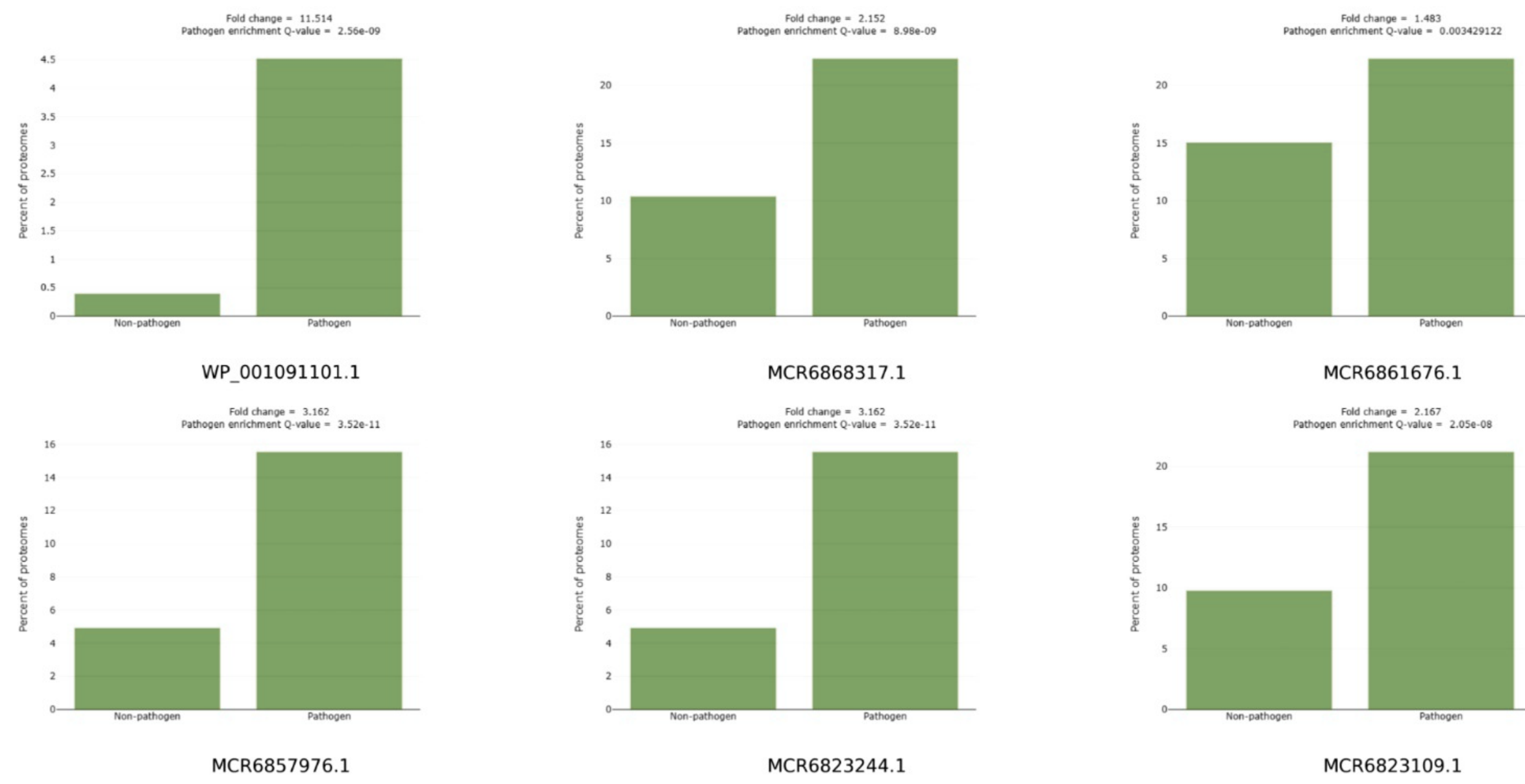
Fonte: Acervo Pessoal (2025)

Tabela 1. Anotação funcional e predição de virulência de proteínas hipotéticas de sorovares de *Bacillus thuringiensis*.

Linhagem	Descrição da função	E-value	fold change	Q-value
Tomanofy				
MCR6857976.1	SGNH/GDSL hydrolase family protein	3.7e-08	3162.0	3.52e-11
MCR6861676.1	HNH nuclease domain-containing protein	3.6e-07	1483.0	0.00343
MCR6864009.1	FtsH-binding integral membrane protein	9.3e-05	3133.0	3.99e-05
MCR6868317.1	HTH myb-type domain-containing protein	5e-05	2152.0	8.98e-05
WP_001091101.1	Histone acetyltransferase HPA2	0.00039	11514.0	2.56e-09
Pakistani				n
MCR6785929.1	HAAS transmembrane region domain-containing protein	2.3e-08	1986.0	0.00107
MCR6823109.1	Immunity protein 49 of polymorphic toxin system	2.7e-06	2167.0	2.05e-04
MCR6823244.1	CpXC domain-containing protein	5.3e-05	1106.0	0.0427
MCR6829967.1	Iron-sulfur cluster repair di-iron protein	8.9e-52	33462.0	0.00871
MCR6830118.1	SGNH/GDSL hydrolase family protein	2.2e-07	3162.0	3.52e-11
Kurstaki				
MCU4173096.1	DoxX	1.7e-11	1955.0	0.0764
MCU4170068.1	Iron-sulfur cluster repair di-iron protein	6.4e-52	33462.0	0.00871
MCR6841479.1	SGNH/GDSL hydrolase family protein	5.3e-08	3162.0	3.52e-11
MCR6840780.1	Reductase or disulfide isomerase	4.8e-05	5027.0	1.26e-10

Fonte: Acervo Pessoal (2025)

Figura 4. Análise de enriquecimento em patógenos



Fonte: Acervo Pessoal (2025)

CONCLUSÃO

Este estudo demonstrou que ferramentas computacionais são eficientes para identificar proteínas pouco caracterizadas de *Bacillus thuringiensis* potencialmente associadas à virulência. A análise revelou enriquecimento significativo dessas proteínas em organismos patogênicos, indicando seu possível papel funcional. Esses resultados contribuem para a compreensão dos mecanismos de patogenicidade da bactéria e estabelecem uma base para estudos experimentais futuros, com aplicações no desenvolvimento de estratégias mais sustentáveis para o controle de pragas agrícolas.

REFERÊNCIAS

- BHASIN, M.; GARG, A.; RAGHAVA, G. P. S. PSLpred: prediction of subcellular localization of bacterial proteins. *Bioinformatics*, Oxford, v. 21, n. 10, p. 2522–2524, 2005.
- BLACKBURN, M. B. et al. Genomic sequencing of fourteen *Bacillus thuringiensis* isolates: insights into geographic variation and phylogenetic implications. *BMC Research Notes*, London, v. 16, n. 1, p. 134, 2023.
- CAO, B. et al. Genomic functional analysis of the first highly effective *Bacillus thuringiensis* strain targeting hemipteran pests reveals its plant growth-promoting potential. *Pest Management Science*, London, v. 81, n. 7, p. 4085–4096, 2025.
- CHEN, L. et al. VFDB: a reference database for bacterial virulence factors. *Nucleic Acids Research*, Oxford, v. 33, suppl. 1, p. D325–D328, 2005.
- DENZER, L. et al. From gene to protein — how bacterial virulence factors manipulate host gene expression during infection. *International Journal of Molecular Sciences*, Basel, v. 21, n. 10, p. 3730, 2020.

AGRADECIMENTOS

