



PREDIÇÕES GUIADAS POR GENÔMICA DO POTENCIAL DE PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO VEGETAL DE ISOLADOS DE *SERRATIA MARCESCENS* ENDOFÍTICOS DE MILHO (*Zea mays*)

Silva, U.C.¹; Silva, D. R. C da¹; Leite, L. R.²; Felestrino, E. B. ³; Moreira, L. M.³; Almeida-Júnior, N. F.⁴; Oliveira, C. A.⁵; Santos, V.L.¹

¹ Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG- ubiana.microb.ufmg@gmail.com, Belo Horizonte, MG

² Grupo de genômica e informática de biosistemas, Centro de Pesquisa René Rachou, Fiocruz, Belo Horizonte, MG.

³ Departamento de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Ouro Preto.

⁴ Departamento de Informática e Estatística, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande MS.

⁵ Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG.

Os micro-organismos interagem com as plantas desempenhando funções que podem auxiliar no seu crescimento. Estes podem ser usados para o desenvolvimento de inoculantes que aumentem a produtividade e sustentabilidade de culturas de importância no cenário agrícola, como o milho. Neste estudo, analisamos o genoma de duas linhagens de *Serratia marcescens* endofíticas de milho (UFMG2112 e UFMG85) visando identificar genes relacionados ao estilo de vida endofítico, promoção do crescimento vegetal e comparar seus genomas aos de *Serratia* isoladas de diferentes ambientes. Os genomas foram sequenciados utilizando a plataforma Illumina Miseq, montados com os programas A5 e CAP3 e anotados utilizando o Prokka e o Rast. Em análises filogenéticas baseadas em famílias gênicas, UFMG2112 agrupou com *S. marcescens* isoladas de plantas (RSC14 e B3R3), de biofilme de superfície abiótica (WW4), de inseto (Db11) e com um isolado da espécie *S. ureilytica* associada a fonte geotérmica. Já UFMG85 agrupou com 3 isolados clínicos (UNAM836, SM39 e CAV1492), com alto bootstrap. Anotações funcionais dos genes preditos nos isolados revelaram a presença de genes core para a solubilização, hidrólise e aquisição de fosfato, aquisição de ferro, produção do ácido indol acético (AIA), motilidade, adesão e formação de biofilme, produção de bacteriocinas, antibióticos e genes que conferem resistência ao estresse oxidativo nas plantas. Foram detectados ainda 3 profagos no genoma de UFMG85 e 2 no genoma de UFMG2112, e CRISPR. Análises comparativas dos genomas mostrou a presença de regiões únicas, a maioria correspondentes a ilhas genômicas. Em UFMG2112, elas continham genes do sistema secretório tipo III, lipoproteína, protease e quitinase, enquanto em UFMG85, sistema secretório tipo IV, genes relacionados a conjugação e transposição, quimiotaxia e produção de raminolipídeo. O repertório de genes detectados confirma o estilo endofítico dos isolados e o potencial de promover o crescimento de plantas.

Palavras-chave: genômica, endofítico, *Serratia marcescens*, milho

Apoio Financeiro: Fapemig, CNPq, Embrapa e Capes