XXIV Congreso Latinoamericano de Microbiología
XL Congreso Chileno de Microbiología
II Reunión Anual de la Asociación Chilena de Inmunología
IX Reunión de la Sociedad Latinoamericana de Tuberculosis y otras Micobacteriosis

Centro de Eventos y Convenciones Centroparque, ubicado en el Parque Araucano, Santiago, Chile
Del 13 al 16 de noviembre de 2018
alam.science/alam-2018

LIBRO DE RESÚMENES
Genômica comparativa de *Serratia marcescens* endofticas isoladas de *Zea mays* com linhagens de *Serratia* de diferentes estilos de vida

Silva Ubiana De Cassia¹, Silva Daliane Regis C.¹, Leite Laura Rabelo², Medeiros Juliane Dutra³, Felestrino Erica Barbosa⁴, Caneschi Washington Luiz⁴, Moreira Leandro Marcio⁴, Júnior Nalvo Almeida⁴, Robson Silva⁴, Oliveira Christiane Abreu⁴, **Santos Vera Lúcia Dos**¹.¹ Departamento de Microbiologia, Laboratório de Microbiologia Aplicada, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, BR. ²Bioinformática, Instituto de Ciências Bionómicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, BR. ³Laboratório de Genética e Fisiologia Bacteriana, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de fora, BR. ⁴Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Centro de Pesquisa em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto, BR. ⁵Faculdade de Computação, Cidade Universitária, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, BR. ⁶Microbiologia, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, BR.

Neste estudo, foi realizada a comparação dos genomas de duas linhagens endofticas de *Serratia marcescens* isoladas de *Zea mays* (SmCNPMS2112 e SmUFMG85) com outras 19 linhagens do gênero isoladas de diferentes ambientes. Na análise, buscou-se a identificação de genes indicativos do estilo de vida endoftico, promoção do crescimento de plantas e patogênicos. Observamos alta conservação dos genomas para características relacionadas à colonização e promoção do crescimento de plantas independente da origem dos isolados, assim como para a produção de antibióticos, resistência a drogas e fatores de virulência. Isso sugere que as diferenças que definem um determinado estilo de vida entre as linhagens de *Serratia* avaliadas estão mais relacionadas às variações na expressão gênica do que ao conteúdo de genes por se. Além disso, foram investigados profagos e ilhas genômicas nas duas *S. marcescens* deste trabalho. SmUFMG85 apresentou três inserções de profagos e, no genoma de SmCNPMS2112, houve duas inserções de profagos. Outro interessante achado foi que grande parte das regiões únicas e acessórias de ambos os genomas (SmUFMG85 e SmCNPMS2112) estão localizadas em ilhas genômicas. Por exemplo, nas ilhas genômicas de SmCNPMS2112, detectou-se o sistema secretor do tipo III, protease, quitinase, fimbrias, sideróforos e β-lactamas, enquanto nas ilhas de SmUFMG85, foram encontrados genes exclusivos que codificam para o sistema de secreção tipo IV, além de protease, hemolisina, aquisição de ferro e produção de ramnolípidos. Esses resultados contribuem para a compreensão de adaptações de genomas a nichos ecológicos específicos em relação a outros genomas similares, bem como para uma visão mais precisa e ampla sobre o potencial de bactérias para o desenvolvimento de bioinoculantes visando o cultivo de importantes vegetais, como o milho. Sendo essa uma possível forma de atender às demandas por modelos de agricultura mais sustentáveis para o meio ambiente.

Vale SA, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).