



ASOCIACIÓN LATINOAMERICANA DE MICROBIOLOGÍA



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

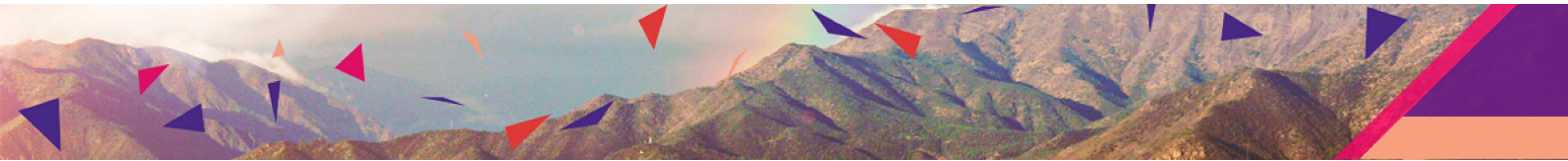
**Centro de Eventos y Convenciones Centroparque,
ubicado en el Parque Araucano, Santiago, Chile**

Del 13 al 16 de noviembre de 2018

alam.science/alam-2018

LIBRO DE RESÚMENES





MI195

Genômica comparativa de *Serratia marcescens* endofíticas 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 Julliane Dutra³, Felestrino Erica Barbosa⁴, Caneschi Washington Luiz⁴, Moreira Leandro Marcio⁴, Júnior Nalvo Almeida⁵, Robson Silva⁵, Oliveira Christiane Abreu⁶, **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. ⁽²⁾ Bioinformática, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, BR. ⁽³⁾ Laboratório de Genética e Fisiologia Bacteriana, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de fora, BR. ⁽⁴⁾ Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Centro de Pesquisa em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Ouro preto, Ouro Preto, BR. ⁽⁵⁾ Faculdade de Computação, Cidade Universitária, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, BR. ⁽⁶⁾ Microbiologia, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, BR.

Neste estudo, foi realizada a comparação dos genomas de duas linhagens endofíticas 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 endofítico, promoção do crescimento de plantas e patogenicidade. 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 per 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, fímbrias, 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 ramnolipídeos. 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).