

ANÁLISE GENÔMICA DE ISOLADOS DE *SERRATIA* SPP. PARA POTENCIAL USO NO CONTROLE BIOLÓGICO DE FITOPATÓGENOS

Ariany Rosa Gonçalves^{1*}; Marco Antônio Adorno Cardoso^{1,2}; Kamilla Rasmussem Mendonça^{1,2}; Lorena Resende Oliveira^{1,2}; Rodrigo Silva de Oliveira^{1,2}; Marta Cristina Corsi de Filippi¹

¹Laboratório de Microbiologia Agrícola. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás - GO. ²Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Goiás, Goiânia - GO. *ariany.biol@gmail.com

Bactérias promotoras de crescimento de plantas (PGPB), como *Serratia*, *Bacillus*, *Pseudomonas* e *Burkholderia*, desempenham um papel essencial na promoção do crescimento vegetal e no controle de fitopatógenos. Essas bactérias colonizam folhas e solo, contribuindo para a fitossanidade e a eficácia de biocontrole. Este estudo foca na análise genômica comparativa de nove isolados do gênero *Serratia* pertencentes à coleção de Microrganismos Multifuncionais e Fitopatogênicos da Embrapa Arroz e Feijão, visando selecionar isolados com potencial antagonista a fitopatógenos, especialmente fungos. Para isso, utilizamos sequenciamento de alto rendimento em plataformas Illumina e MinION para obter leituras curtas e longas, respectivamente, e montamos os genomas usando SPAdes e Flye. As sequências foram submetidas no *Type (Strain) Genome Server* (TYGS) para análise taxonômica baseada em genoma completo, comparando com 18 genomas de referência do banco de dados. Comparações pareadas foram realizadas usando GBDP e distâncias intergenômicas, gerando uma árvore evolutiva mínima balanceada com suporte de ramificação via FASTME. Adicionalmente, foi realizada uma análise de genes ortólogos com ProteinOrtho. Além disso, utilizamos o programa antiSMASH para prever *clusters* de metabólitos secundários. Dos nove isolados analisados, seis foram identificados molecularmente como *Serratia marcescens* (BRM32113, BRM32114, BRM63522, BRM69374 e BRM69377) e um como *Serratia ureilytica* (BRM69372). Três isolados (BRM69373, BRM69375 e BRM69376) foram considerados potenciais novas espécies. Identificamos 14.989 genes ortólogos, dos quais 711 eram de cópia única compartilhados entre os isolados avaliados. Todos os isolados apresentaram genes exclusivos, com destaque para BRM69372, BRM69376 e BRM69373, que mostraram maior número de genes únicos. Os resultados indicam que todos os isolados possuem *clusters* gênicos para NRPS e betalactona, além de genes para prodigiosina, exceto BRM69372 e BRM69373. Esses achados sugerem que os isolados de *Serratia* estudados têm potencial para atuar como agentes antibióticos no controle biológico de fitopatógenos, com variações na quantidade e tipo de compostos antimicrobianos produzidos. A diversidade genética observada entre os isolados pode contribuir para o desenvolvimento de novas estratégias de controle biológico e biofertilizantes.

Palavras-chave: Biocontrole; Filogenômica; Metabólitos secundários

Agradecimentos: Embrapa Arroz e Feijão, CAPES e FAPED.