

DIVERSIDADE GENÉTICA DE *PSEUDOMONAS* SPP. ISOLADAS NO CÓRREGO CORREDOR EM MÁRIO CAMPOS, MG.

Laura Coutinho Bernardes¹ ; Laura Cristina Martins Araújo¹; Ariana Urana
Paulo Teodoro¹; Marcela Vianinni Christofari Figueroa¹; Swiany Silveira Lima¹,
Marisa Cristina da Fonseca Casteluber¹; Fernanda Prieto Bruckner¹

¹Universidade do Estado de Minas Gerais.

laura.1395229@discente.uemg.br

As *Pseudomonas* configuram um dos maiores gêneros de bactérias Gram negativas, com 336 espécies reconhecidas pela *List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature* (LPSN). Seus membros podem ser saprófitas (maioria), fitopatogênicos e patógenos humanos oportunistas, com ampla distribuição em diversos ambientes. Um estudo preliminar realizou coletas de água e solo marginal em três pontos específicos do Córrego corredor, em Mário Campos, MG e obteve 22 isolados de *Pseudomonas* spp. com ampla diversidade fenotípica. A área de amostragem caracteriza-se por uma região próxima à nascente (Ponto I), região de despejo de esgoto tratado pela ETE municipal (ponto II) e região após a ETE, no interior de uma propriedade produtora de hortaliças (ponto III). Neste contexto, este trabalho visa a identificação taxonômica e análise da diversidade genética destes isolados. A identificação em nível de gênero foi realizada por extração de DNA, seguida de PCR e sequenciamento da região do rDNA 16S, com posterior comparação das sequências no banco de dados do *National Center for Biotechnology Information*, utilizando-se a ferramenta BLAST. Para a identificação das espécies, foi realizado PCR e sequenciamento do gene que codifica a subunidade D da RNA polimerase (*RpoD*). As sequências foram alinhadas às do gene *RpoD* referência para as espécies de *Pseudomonas* reconhecidas pela LPSN, pelo algoritmo MUSCLE e uma matriz de identidade nucleotídica foi gerada. Sequências com identidade nucleotídica igual ou superior a 98% foram consideradas pertencentes à mesma espécie. Posteriormente, a reconstrução filogenética foi realizada pelo método máximo verossimilhança, com 1000 repetições, realizado no programa MEGA11. Sete isolados foram identificados como sendo da espécie *P. kribbensis*, encontrada nos três pontos amostrados. Outras quatro espécies foram encontradas nas regiões supracitadas, sendo elas *P. bubulae*, *P. chlororaphis*, *P. palleroniana* e *P. asiática*. Os demais isolados revelaram identidades de sequência inferiores a 98%, variando de 82 e 96%, sendo prováveis novas espécies. A árvore filogenética gerada demonstra uma ampla diversidade genética entre as espécies, sendo maior entre isolados do ponto I (8 espécies distintas) do que nos pontos II e III (3 espécies diferentes em cada). Este fato pode estar relacionado à melhor qualidade da água próximo a nascente, contribuindo para maior biodiversidade microbiana.

Palavras-chave: Análise filogenética; Bioinformática; Microbiologia ambiental

Agradecimentos: Universidade do Estado de Minas Gerais, Programa Institucional de Apoio a Pesquisa da UEMG e FAPEMIG.