



Sequenciamento e análise do genoma de *Serratia marcescens* UENF-22GI: Uma bactéria promotora do crescimento vegetal isolada de vermicomposto.

Filipe P. Matteoli, Pollyanna S. Lopes, Fábio L. Olivares, Thiago M. Venancio

O incremento contínuo da população mundial e a adoção de práticas agrícolas intensivas resultam em acúmulo de resíduos orgânicos e contaminação ambiental. Com o intuito de mitigar tais danos, abordagens sustentáveis vêm sendo testadas em todo o mundo, sendo uma delas o manejo sustentável do solo. Embora as propriedades biológicas de um terreno fértil ainda não sejam totalmente conhecidas, já é amplamente aceito que a utilização de microrganismos benéficos é uma estratégia promissora no manejo do solo. Nesse contexto, a vermicompostagem é uma prática estabelecida e largamente aplicada, capaz de estabilizar resíduos verdes, através do uso de minhocas, que promovem a aeração, fragmentação e digestão parcial do substrato, incrementando drasticamente a atividade microbiana, particularmente na drilosfera. Além disso, o vermicomposto já foi descrito como fonte de diversidade microbiológica, notavelmente de rizobactérias promotoras do crescimento vegetal (do inglês *PGPR*). Neste trabalho reportamos o sequenciamento e análise do genoma de *Serratia marcescens* (cepa UENF 22-GI), isolada de material vermicompostado. Foram sequenciados 21,445,242 paired-end reads na plataforma Illumina HiSeq 2500. Os reads foram montados com o software Velvet, resultando em um *draft* de 5,001,584 Mb com 3.0 Mb N50. Foi utilizada a plataforma RAST para anotação, resultando em 4662 genes codificadores de proteínas, 30 pseudogenes, 6 rRNAs, 84 tRNAs. Foi realizada extensa curadoria manual para encontrar genes potencialmente envolvidos com a promoção do crescimento vegetal. Nossos resultados *in silico* e *in vitro* indicam as possíveis bases genéticas do potencial biotecnológico de *S. marcescens* na promoção do crescimento de milho (*Zea mays* var UENF/506-11), bem como na inibição do



crescimento de fungos fitopatogênicos como *Fusarium oxysporum* e *Fusarium solani* o que poderá abrir os caminhos para sua utilização em novos insumos agrícolas.
Palavras-chave: Genômica, Microbiologia, PGPR.

Instituição de fomento: CAPES, FAPERJ.