

Caracterização genômica, taxonômica e detecção da produção de substância antimicrobiana em *Aeromonas allosaccharophila*.

SILVA, Sheila; GUEDES, Fernanda Alves de Freitas; RIBEIRO, José Roberto; PINHEIRO, Yuri; THOMPSON, Fabiano; MACRAE, Andrew; OLIVEIRA, Selma Soares.

Departamento de Microbiologia Geral, Instituto de Microbiologia Paulo de Góes, CCS, UFRJ, 21.941.906. Rio de Janeiro Brasil

selma@micro.ufrj.br

O gênero *Aeromonas* é composto por bacilos Gram-negativos, anaeróbicos facultativos e possui estirpes patogênicas e não patogênicas. Podem secretar diversos compostos, como as bacteriocinas que possuem grande potencial biotecnológico, tendo aplicações na medicina, como um novo antibiótico, e também nas indústrias de alimentos e cosméticos, como um conservante mais natural. Neste estudo, foram testadas 57 estirpes do gênero *Aeromonas*, isoladas de peixes de feira livre, de folhas de alface e da Lagoa Rodrigo de Freitas, para verificar a produção de substâncias antimicrobianas, foram detectadas 40 estirpes produtoras que foram testadas contra bactérias de importância clínica, como: *Acinetobacter baumannii*, não produtora de OXA 23; *Escherichia coli* ESBL, *Klebsiella pneumoniae* KPC; *Pseudomonas aeruginosa* SPM; *Salmonella typhimurium* ATCC 14028; *Staphylococcus aureus* ATCC 6538. A estirpe AE59 apresentou um amplo espectro de ação e um maior halo de inibição, então foi selecionada para sequenciamento com a plataforma illumina Miseq, o qual gerou 117.519.846 pb. A montagem foi uma associação do método *de novo* com a ferramenta SPAdes e o método de genoma de referência com o MeDuSa utilizando seis genomas completos de *Aeromonas veronii*, o tamanho do genoma foi de 4.498.26 pb.e o conteúdo GC 58,7%. A identificação taxonômica foi realizada através da técnica de hibridização DNA-DNA *in silico* com o GGDC e pela técnica MLSA, construindo uma Super Árvore com 05 *housekeeping genes*, sendo: *gyrB*, *groL*, *gltA*, *metG*, *recA* e o gene que codifica o rRNA 16S. A árvore foi construída com o programa MEGA7, através do método *Neighbor-Joining*. A anotação feita pelo RAST identificou 4.050 sequências de codificação; 123 RNAs não codificantes e 519 subsistemas. Em relação à produção de bacteriocina foi identificado o gene que codifica uma bacteriocina semelhante à colicina V, quando comparada com outras sequências já depositadas no NCBI, para as bacteriocinas de *Aeromonas* sp. a identidade foi de 99% e para o gênero *Escherichia*

coli a identidade foi de 65%. Os próximos passos incluem estudos dos genes identificados nesses genomas e das substâncias antimicrobianas para avaliar sua potencial aplicação biotecnológica.

Apoio financeiro: CNPq (bolsa, Silva, S).

Palavras chaves: *Aeromonas allosaccharophila* AE59; bacteriocinas; Colicina V; substância antimicrobiana; Illumina MiSeq, montagem do genoma; hibridização DNA-DNA (DDH); *Housekeeping genes*.