

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

JÚLIA ARAUJO TOMAZELI

**POTENCIAL DE *SERRATIA MARCESCENS* LB1 NA PROMOÇÃO DO
CRESCIMENTO VEGETAL E NO BIOCONTROLE DE FUNGOS
FITOPATÓGENOS: ABORDAGEM GENÔMICA E EXPERIMENTAL**

Jaboticabal - SP

2025

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**POTENCIAL DE *SERRATIA MARCESCENS* LB1 NA PROMOÇÃO DO
CRESCIMENTO VEGETAL E NO BIOCONTROLE DE FUNGOS
FITOPATÓGENOS: ABORDAGEM GENÔMICA E EXPERIMENTAL**

Trabalho apresentado à Faculdade de Ciências
Agrárias e Veterinárias - UNESP, Câmpus de
Jaboticabal, para obtenção do título de Bacharel
em Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Daniel Guariz Pinheiro
Coorientadora: Dra. Cinara Ramos Sales

Jaboticabal - SP
2º Semestre/2025

T655p

Tomazeli, Júlia Araujo

Potencial de *Serratia marcescens* LB1 na promoção do crescimento vegetal e no biocontrole de fungos fitopatógenos: abordagem genômica e experimental / Júlia Araujo Tomazeli. -- Jaboticabal, 2025

75 p. : tabs., fotos

Trabalho de conclusão de curso (Bacharelado - Ciências Biológicas) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientador: Daniel Guariz Pinheiro

Coorientadora: Cinara Ramos Sales

1. Bactérias promotoras de crescimento vegetal. 2. Antagonismo microbiano. 3. Controle biológico. 4. Microbiologia agrícola. 5. Bioinsumos agrícolas. I. Título.

Júlia Araujo Tomazeli

Potencial de *Serratia marcescens* LB1 na promoção do crescimento vegetal e no biocontrole de fungos fitopatógenos: abordagem genômica e experimental

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, para obtenção do título de Bacharel em **Ciências Biológicas**.

Orientador: Prof. Dr. Daniel Guariz Pinheiro

Coorientador (se houver): Dra. Cinara Ramos Sales

Área de Concentração: Microbiologia Agropecuária

Trabalho aprovado em 04/12/2025

Banca Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **DANIEL GUARIZ PINHEIRO**
Data: 05/12/2025 19:04:23-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Daniel Guariz Pinheiro

UNESP - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Campus de Jaboticabal

Documento assinado digitalmente
 **MAURO DE MEDEIROS OLIVEIRA**
Data: 05/12/2025 12:40:27-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Mauro de Medeiros Oliveira

UFRJ – Universidade Federal do Rio de Janeiro

Documento assinado digitalmente
 **HECTOR JOSE VALERIO ARDON**
Data: 05/12/2025 14:27:02-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Me. Hector José Valério Ardon

UNESP - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Campus de Jaboticabal

Documento assinado digitalmente
 **JAIRO OSVALDO CAZETTA**
Data: 08/12/2025 16:06:24-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Jairo Osvaldo Cazetta
Chefe do Departamento

“O sonhador vê que Deus está ali.
E o amor se torna completo e absoluto”
Rosa de Saron

AGRADECIMENTOS

A Deus, e à Santíssima Virgem Maria, pelas incontáveis bênçãos que eu recebo todos os dias, por me darem coragem para superar todos os desafios durante a minha graduação.

Agradeço à Júlia de anos atrás, que amava brincar de ser professora e cientista. Obrigada por colocar no meu coração, o amor pela ciência.

À minha família. Ao meu pai, João Tomazeli, por sempre me apoiar, incentivar e lutar para que eu tivesse uma educação de qualidade. Graças ao meu pai, hoje estou em uma das maiores universidades do país, realizando os meus sonhos. À minha mãe, Sandra, por acordar todos os dias às cinco da manhã, junto comigo, para ir para a faculdade, e me esperar acordada até às onze da noite. Obrigada aos meus pais por serem meus exemplos de seres humanos, por me ensinarem a nunca desistir dos meus sonhos e a seguir o caminho do bem.

À minha irmã, Isabela, por sempre me incentivar e vibrar comigo nas minhas conquistas, por ser minha primeira e melhor amiga. À minha vó, Benedita, por ser meu exemplo de mulher forte e batalhadora, e principalmente, por todas as orações.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Daniel Guariz Pinheiro, por me receber no Laboratório de Bioinformática de braços abertos e por todo o aprendizado e apoio. Aos amigos do Laboratório de Bioinformática, o meu muito obrigada por toda a ajuda, cafés e risadas.

À Giovanna Rodrigues, que sempre esteve comigo em todas as minhas falhas, choros e acertos, o meu muito obrigada por ser minha parceira de bancada, de seminários, e de vida.

À minha coorientadora Dra. Cinara Sales, pela paciência, parceria, e por todo o aprendizado na microbiologia.

Aos meus amigos, aqueles que encontrei durante a vida e sempre estiveram ao meu lado, vibrando comigo nas minhas conquistas, e à família que a Unesp me presenteou: Liliane, Alexia, Maria Fernanda, Pollyanna, Martha. Que sorte a minha encontrar pessoas que tornam a minha jornada de vida mais leve e feliz!

Ao técnico de laboratório Sérgio Luís Nobukuni, por toda ajuda, conselhos e amizade.

À Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias e ao Departamento de Biotecnologia Agropecuária e Ambiental, por toda a infraestrutura utilizada para a realização deste trabalho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico pela concessão da bolsa de Iniciação Científica. À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP , pelo auxílio financeiro para desenvolvimento desta pesquisa - Proc. 17/09008-5 e “CEPID CBioClima” Proc. 21/10639-5.

Agradeço a todas as pessoas que fizeram meu coração sorrir ao longo dessa jornada. Rodear-me de pessoas incríveis, sem dúvida, foi o que tornou esses anos, verdadeiramente especiais.

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo caracterizar o potencial do isolado *Serratia marcescens* LB1 na promoção do crescimento vegetal e no biocontrole de fungos fitopatogênicos, por meio de abordagens experimentais e genômicas. O isolado foi obtido de folhas de cana-de-açúcar cultivadas sob sistema orgânico e reativado em meio LB. A curva de crescimento com fase exponencial até 8h e estabilização após 12h, acompanhada de variação do pH entre 6 e 8. A cepa apresentou coloração vermelho-alaranjada e ausência de hemólise em ágar sangue, uma das características de linhagens ambientais. Nos ensaios de antagonismo, *S. marcescens* LB1 exibiu inibição micelial expressiva frente a *Alternaria alternata* (~74%), *Colletotrichum eriobotryae* (~64%) e *Fusarium oxysporum* (~59%), demonstrando forte ação antifúngica atribuída à produção de metabólitos solúveis e compostos voláteis. Nos testes com tomate-cereja (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*), a inoculação bacteriana aumentou o Índice de Velocidade de Germinação. Entretanto, para as variáveis morfológicas avaliadas nas plântulas não foram observadas diferenças estatisticamente significativas entre o tratamento controle e o inoculado. Ainda assim, verificou-se tendência de maior desenvolvimento radicular em plantas inoculadas, especialmente no comprimento e na massa fresca das raízes. A análise genômica confirmou a identificação da cepa como *Serratia marcescens* e revelou genes associados à síntese de sideróforos, quitinases, prodigiosina e outros compostos relacionados à promoção vegetal e biocontrole, sem presença de determinantes clássicos de virulência. Os resultados mostram o potencial de *S. marcescens* LB1 como um agente biológico promissor para o desenvolvimento de um bioinsumo para uso na agricultura sustentável.

PALAVRAS-CHAVE: Bactérias promotoras de crescimento vegetal; antagonismo microbiano; controle biológico; microbiologia agrícola; bioinsumos agrícolas.

ABSTRACT

This study aimed to characterize the potential of the *Serratia marcescens* LB1 isolate in promoting plant growth and biocontrolling phytopathogenic fungi, using experimental and genomic approaches. The isolate was obtained from sugarcane leaves cultivated under an organic system and reactivated in LB medium. The growth curve showed an exponential phase up to 8 hours and stabilization after 12 hours, accompanied by a pH variation between 6 and 8. The strain presented a reddish-orange color and absence of hemolysis on blood agar, one of the characteristics of environmental strains. In antagonism assays, *S. marcescens* LB1 exhibited significant mycelial inhibition against *Alternaria alternata* (~74%), *Colletotrichum eriobotryae* (~64%), and *Fusarium oxysporum* (~59%), demonstrating strong antifungal action attributed to the production of soluble metabolites and volatile compounds. In tests with cherry tomatoes (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*), bacterial inoculation increased the Germination Speed Index. However, for the morphological variables evaluated in the seedlings, no statistically significant differences were observed between the control and inoculated treatments. Even so, a tendency towards greater root development was observed in inoculated plants, especially in root length and fresh mass. Genomic analysis confirmed the identification of the strain as *Serratia marcescens* and revealed genes associated with the synthesis of siderophores, chitinases, prodigiosin, and other compounds related to plant promotion and biocontrol, without the presence of classic virulence determinants. The results show the potential of *S. marcescens* LB1 as a promising biological agent for the development of a bio-input for use in sustainable agriculture.

KEYWORDS: Plant growth-promoting bacteria; microbial antagonism; biological control; agricultural microbiology; agricultural bio-inputs.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Curva de crescimento de <i>Serratia marcescens</i> LB1.....	26
Figura 2 – Variação do pH durante 40 horas de crescimento da bactéria <i>Serratia marcescens</i> LB1.....	27
Figura 3 – (A) <i>Serratia marcescens</i> LB1 em meio LB sólido. (B) <i>Serratia marcescens</i> LB1 em ágar sangue.....	28
Figura 4 – Variação do IVG entre os diferentes tratamentos avaliados, indicando possíveis diferenças na velocidade de germinação das sementes.....	29
Figura 5 – Variação no crescimento inicial das plântulas, comparando os comprimentos do hipocótilo e da radícula entre os tratamentos.....	29
Figura 6 – Distribuição das variáveis morfológicas avaliadas nas plantas submetidas ao inóculo bacteriano. As variáveis incluem número de folhas, altura da parte aérea, comprimento da raiz, massa fresca da parte aérea, massa fresca da raiz, massa seca da parte aérea e massa seca da raiz.....	31
Figura 7 – Ensaios de antagonismo com cultivo filtrado: (A) <i>Alternaria alternata</i> ; (B) <i>Colletotrichum musae</i> ; (C) <i>Colletotrichum eriobotryae</i> ; (D) <i>Fusarium oxysporum</i> ; (E) <i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i> ; (F) <i>Fusarium verticillioides</i>	33
Figura 8 – Ensaios de antagonismo com cultivo completo: (A) <i>Alternaria alternata</i> ; (B) <i>Colletotrichum musae</i> ; (C) <i>Colletotrichum eriobotryae</i> ; (D) <i>Fusarium oxysporum</i> ; (E) <i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i> ; (F) <i>Fusarium verticillioides</i>	34
Figura 9 – Ensaios de antagonismo com compostos voláteis: (A) <i>Alternaria alternata</i> ; (B) <i>Colletotrichum musae</i> ; (C) <i>Colletotrichum eriobotryae</i> ; (D) <i>Fusarium oxysporum</i> ; (E) <i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i> ; (F) <i>Fusarium verticillioides</i>	35
Figura 10 – Média de Inibição micelial em Cultivo completo, Filtrado e Compostos voláteis dos fungos fitopatogênicos testados (%).....	36
Figura 11 – Filograma representando a distância genômica baseada na metodologia do <i>Genome BLAST Distance Phylogeny</i> (GBDP) do TYGS. As colunas de blocos coloridos ao lado da árvore representam os agrupamentos taxonômicos gerados automaticamente pelo TYGS, incluindo identificação de clusters genômicos, agrupamento por espécie com base nos valores de dDDH/ANI e indicação das	

cepas-tipo utilizadas como referência. Blocos com a mesma cor indicam genomas pertencentes ao mesmo grupo taxonômico.....	40
Figura 12 – Mapa genômico circular de <i>Serratia marcescens</i> LB1.....	45
Figura 13 – Distribuição das anotações funcionais associadas a mecanismos de promoção de crescimento vegetal, agrupadas em sete categorias.....	51

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	1
2 OBJETIVOS.....	3
2.1 Geral.....	3
2.2. Específicos.....	3
3 REFERENCIAL TEÓRICO.....	5
3.1 Agricultura Sustentável e Controle Biológico.....	5
3.2 Fungos Fitopatogênicos.....	7
3.3 <i>Serratia marcescens</i>	7
3.4 <i>Serratia marcescens</i> como bactéria promotora de crescimento em plantas....	9
3.5 Mecanismos de antagonismo bacteriano contra fungos fitopatogênicos.....	10
3.6 Análise genômica aplicada ao biocontrole.....	13
3.7 Resistência antimicrobiana em bactérias ambientais.....	14
3.8 Desafios e perspectivas na utilização de bioinoculantes.....	16
4 METODOLOGIA.....	17
4.1 Reativação do microorganismo e avaliação de crescimento.....	17
4.2 Avaliação fenotípica em ágar sangue.....	18
4.3 Ensaio de antagonismo.....	18
4.4 Experimento de germinação.....	19
4.5 Experimento <i>in planta</i>	20
4.6 Sequenciamento e controle de qualidade de leitura.....	21
4.7 Montagem genômica e identificação taxonômica.....	22
4.8 Predição e anotação gênica.....	24
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
5.1 Reativação do microorganismo e avaliação de crescimento.....	25
5.2 Teste de hemólise e caracterização fenotípica da colônia.....	27
5.3 Experimento de germinação.....	28
5.4 Experimento <i>in planta</i>	30
5.5 Ensaio de antagonismo.....	31

5.6 Montagem.....	36
5.7 Predição gênica.....	37
5.8 Identificação taxonômica.....	39
5.9 Anotação gênica funcional.....	44
5.10 Anotação de genes relacionados à AMR e virulência.....	45
5.11 Anotação de genes relacionados a promoção de crescimento de plantas e biocontrole.....	49
6 CONCLUSÃO.....	52
REFERÊNCIAS.....	53
APÊNDICE – ANOTAÇÃO COMPLETA DOS GENES DA CEPA <i>Serratia</i> <i>marcescens</i> LB1.....	64

1 INTRODUÇÃO

Os pesticidas, compostos naturais ou sintéticos empregados para o controle de insetos, plantas daninhas, fungos, roedores e nematóides, tornaram-se componentes centrais da agricultura moderna, sustentando a produtividade em larga escala e a estabilidade dos sistemas de produção. Sua utilização intensificou-se especialmente a partir da segunda metade do século XX, acompanhando a expansão da agricultura intensiva e a necessidade crescente de garantir altas taxas de rendimento (Lignani; Brandão, 2022).

Atualmente, estima-se que o uso global ultrapasse 2 milhões de toneladas anuais, com China, Estados Unidos e Argentina figurando entre os maiores consumidores (Sharma et al., 2019). Apesar da eficácia agronômica, a aplicação contínua e em larga escala desses compostos gera efeitos colaterais significativos, pois pesticidas podem se deslocar do local de aplicação por mecanismos como lixiviação, volatilização, adsorção ao solo, deriva de pulverização e escoamento superficial, contaminando ecossistemas adjacentes e afetando organismos não alvos.

A diversidade estrutural entre as diferentes classes de pesticidas determina seu comportamento ambiental e potencial tóxico. Os organoclorados, como o Diclorodifeniltricloroetano (DDT), apresentam baixa toxicidade aguda, porém destacam-se pela elevada estabilidade e pela capacidade de bioacumulação (Jayaraj; Megha; Sreedev, 2016), o que levou à sua proibição em diversos países ainda que seus resíduos persistam no ambiente por décadas devido à extrema resistência à degradação. Em contraste, os organofosforados possuem menor persistência ambiental, mas exibem alta toxicidade aguda para mamíferos, representando risco significativo à saúde humana e animal quando utilizados de maneira inadequada (López-Benítez et al., 2024). Esses contrastes reforçam a complexidade envolvida no manejo químico de pragas e evidenciam a necessidade de estratégias de controle mais sustentáveis.

Diante desses problemas, estratégias mais sustentáveis de controle de pragas e doenças, têm ganhado destaque. Entre elas, o controle biológico por microrganismos benéficos e o uso de bioinsumos se apresentam como alternativas promissoras. Esses organismos não só suprimem patógenos por meio de mecanismos como antibiose, competição por recursos e secreção de enzimas líticas,

mas também podem promover o crescimento das plantas por vias benéficas (Backer et al., 2018; Glick, 2012).

Bactérias promotoras de crescimento vegetal (PGPR), especialmente o gênero *Serratia*, têm despertado atenção significativa. Isso se deve à sua capacidade de produzir moléculas bioativas, como prodigiosina, sideróforos, quitinases e outras enzimas que atuam tanto no biocontrole quanto no estímulo vegetal (Gutiérrez-Román et al., 2012; Matteoli et al., 2018). Em particular, a prodigiosina, pigmento vermelho sintetizado por muitos isolados ambientais de *S. marcescens*, tem sido associada à atividade antifúngica, bem como à promoção de crescimento bacteriano e maior biomassa, o que pode favorecer a colonização no ambiente da planta (Haddix; Shanks, 2018).

Além disso, enzimas líticas como as quitinases são componentes-chave no arsenal de biocontrole de *S. marcescens*. Essas enzimas degradam a quitina presente na parede celular de fungos fitopatogênicos, prejudicando sua integridade e capacidade de germinação (Downing; Thomson, 2000). Em estudos clássicos, demonstrou-se que a produção de prodigiosina é particularmente importante para a supressão de fungos como *Didymella applanata*, destacando-se mais que a própria quitinase em alguns casos (Duzhak et al., 2012).

Já aplicações práticas conferem ainda mais relevância ao uso de *S. marcescens*. Por exemplo, a cepa ETR17 isolada da rizosfera do chá, produziu prodigiosina, enzimas líticas, sideróforos e IAA, apresentando antagonismo contra diferentes patógenos e promovendo crescimento vegetal em plantas de chá, sem apresentar a hemólise associada a cepas patogênicas (Dhar Purkayastha et al., 2018). O fato de a cepa não produzir hemolisina é particularmente importante para garantir sua segurança em aplicações agronômicas, no entanto, a espécie é reconhecida como um patógeno oportunista em uma diversidade de hospedeiros, incluindo humanos (Kurz, 2003).

Diante desse cenário, a prospecção de cepas de *S. marcescens* provenientes de sistemas agrícolas sustentáveis, como plantações orgânicas, pode revelar isolados com perfil ideal para a formulação de bioinsumos. Isolados dessas origens tendem a ter menor risco de virulência e melhores adaptações para interagir com as plantas.

Este estudo tem como alvo, investigar as características de BPCPs de um isolado de *S. marcescens* obtido a partir de um meio de cultura enriquecido com bactérias endofíticas de folhas de cana-de-açúcar (*Saccharum sp.*) cultivadas em um sistema orgânico (Teheran-Sierra et al., 2021). Esse isolado previamente exibiu características de BPCPs, tais como solubilização de fosfato, síntese de ácido indolacético (AIA), atividade de ACC (1-aminociclopropano-1-ácido carboxílico)-deaminase, produção de amônia e sideróforos, além de fixação biológica de nitrogênio e produção de enzimas líticas (DIBELLI, 2023). Dessa forma, pretendemos avaliar se a inoculação da bactéria nas plantas, produz, efetivamente, um resultado direto no crescimento e desenvolvimento, e também como a colônia de bactérias se comporta em resposta à presença de fitopatógenos fungos no meio de cultivo. Considerando essas características observadas, juntamente com os resultados de estudos prévios que revelam a produção de metabólitos secundários únicos por bactérias deste gênero, propomos a nossa hipótese.

A hipótese postulada nesta proposta é a de que este isolado possa efetivamente contribuir de um modo direto para o crescimento das plantas, e também atuar de modo indireto, no controle de fitopatógenos fúngicos, afinal bactérias do gênero têm sido consideradas atraentes para fins de biocontrole (Soenens; Imperial, 2020).

2 OBJETIVOS

2.1 Geral

Investigar o potencial da cepa *Serratia marcescens* LB1, como agente de promoção de crescimento vegetal e biocontrole de fungos fitopatogênicos, integrando análises fenotípicas, ensaios fisiológicos, testes de antagonismo e caracterização genômica funcional, a fim de avaliar a associação, com características de promoção de crescimento vegetal, e que poderiam ser aproveitadas em estratégias sustentáveis de manejo agrícola.

2.2. Específicos

Os objetivos específicos incluem:

1. Reativar, cultivar e caracterizar o crescimento da cepa *Serratia marcescens* LB1, determinando seus parâmetros fisiológicos por meio da curva de crescimento, variação de pH e contagem de células viáveis, com o propósito de compreender sua dinâmica metabólica e comportamento em condições laboratoriais.
2. Avaliar o efeito da inoculação bacteriana na germinação e no desenvolvimento inicial de plântulas de tomate-cereja, determinando parâmetros como Índice de Velocidade de Germinação (IVG), comprimento de hipocótilo, comprimento radicular e biomassa, a fim de identificar possíveis mecanismos de promoção de crescimento.
3. Investigar a influência da inoculação bacteriana em plantas cultivadas em vasos com substrato, analisando parâmetros vegetativos (altura, biomassa fresca e seca da parte aérea e raízes), para verificar o impacto do microrganismo no desenvolvimento da planta.
4. Determinar o potencial antagonista da cepa, frente a diferentes fungos fitopatogênicos, por meio de ensaios *in vitro*, utilizando três abordagens distintas: cultivo completo, filtrado livre de células e compostos voláteis (VOCs), quantificando a taxa de inibição micelial, e comparando a eficácia entre os métodos.
5. Confirmar a identificação taxonômica da cepa por meio de análises de ANI e dDDH utilizando plataformas como TYGS e PGAP, assegurando a correta classificação dentro do gênero *Serratia* e esclarecendo sua relação com linhagens ambientais ou clínicas.
6. Anotar o genoma da cepa LB1, buscando genes associados à promoção de crescimento vegetal, interação planta-bactéria, produção de metabólitos antimicrobianos, sideróforos, fitormônios e enzimas hidrolíticas, permitindo correlacionar o repertório genético com os fenótipos observados nos ensaios biológicos.
7. Avaliar a presença de genes de resistência antimicrobiana e fatores de virulência, utilizando bases especializadas, a fim de verificar o perfil de biossegurança da cepa e sua adequação para uso agrícola sem risco relevante de patogenicidade humana.

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Agricultura Sustentável e Controle Biológico

A exposição constante das plantas a patógenos como fungos, bactérias, vírus, oomicetos e nematóides representa um desafio para a agricultura, resultando em perdas estimadas entre 20% e 40% da produção mundial (Ayaz et al., 2023).

O Brasil, com seu extenso território e ampla diversidade climática, econômica e social entre as diferentes regiões, ocupa a nona posição entre as maiores economias do mundo, consolidando-se como a principal potência da América Latina (Souza et al., 2023). A base econômica do país depende fortemente da agricultura, favorecida tanto pelas condições climáticas adequadas quanto pela grande disponibilidade de terras agricultáveis. Esse contexto contribui para que o Brasil esteja entre os maiores consumidores de agrotóxicos do mundo, com um aumento de mais de 125% no uso desses produtos entre 2009 e 2020 (Gaboardi; Candiott; Panis, 2023).

O uso massivo de pesticidas, especialmente de compostos como glifosato, 2,4-D e atrazina, é considerado indispensável para sustentar os altos níveis de produtividade agrícola. As culturas de cana-de-açúcar, milho, soja e cítricos são responsáveis por aproximadamente 66% do consumo nacional de pesticidas, ocupando cerca de 76% da área cultivada no país (Souza et al., 2023).

Embora os pesticidas sejam eficazes no controle desses agentes, seu uso intensivo levanta preocupações devido aos impactos negativos na saúde humana e no meio ambiente. A contaminação do solo por esses compostos afeta processos bioquímicos essenciais, como a atividade enzimática, comprometendo a ciclagem de nutrientes e a capacidade do solo de reter e degradar poluentes (Nath et al., 2023). Diante disso, torna-se urgente adotar alternativas sustentáveis que promovam uma agricultura mais ecológica e equilibrada.

O controle biológico tem se consolidado como uma alternativa viável, ou mesmo complementar ao uso de defensivos químicos na agricultura, empregando organismos naturais ou substâncias por eles produzidas no manejo de pragas e doenças. Essa estratégia consiste na aplicação de agentes de biocontrole (BCAs), como fungos, bactérias, vírus ou suas combinações, diretamente na planta ou no solo, visando impedir a infecção ou o estabelecimento de patógenos (O'Brien, 2017).

Os BCAs atuam na supressão de doenças em plantas por meio de diferentes mecanismos, que podem ser classificados como diretos ou indiretos. Dentre os mecanismos diretos, destacam-se a antibiose, caracterizada pela produção de compostos antimicrobianos que inibem ou eliminam patógenos; o parasitismo, no qual o BCA invade e degrada estruturas do patógeno; e a competição por espaço e nutrientes na rizosfera, limitando o desenvolvimento do organismo nocivo. Já os mecanismos indiretos envolvem a indução de resistência sistêmica nas plantas hospedeiras, estimulando respostas bioquímicas e estruturais de defesa, como a produção de fitoalexinas, enzimas protetoras e proteínas relacionadas à resistência (Ayaz et al., 2023).

Diferentemente do controle biológico de insetos, o controle biológico de doenças de plantas é uma área relativamente recente. O primeiro microrganismo bacteriano registrado para esse fim foi *Agrobacterium radiobacter* var. *radiobacter* cepa K84, aprovado pela Agência de Proteção Ambiental dos Estados Unidos em 1979 para o controle da galha da coroa (*crown gall*) causada pela bactéria *Agrobacterium radiobacter* var. *tumefaciens* (Junaid et al., 2013).

O primeiro agente microbiológico a ser desenvolvido como produto comercial para a agricultura foi o *Bacillus thuringiensis* (Bt), com o produto *Sporéine* tornando-se disponível na França em 1938. O entomopatógeno Bt foi originalmente descrito por Ishiwata (1901), ao investigar a doença “sotto” do bicho-da-seda.

O uso de bactérias do gênero *Bacillus* no controle biológico de pragas e doenças, tem se consolidado globalmente devido à sua notável capacidade de produzir compostos antimicrobianos, (Amaria et al., 2024) nematicidas e inseticidas. No Brasil, esse panorama não é diferente: o país desponta como um dos principais mercados de biocontrole agrícola, sendo que formulações à base de *Bacillus*, representaram cerca de 80% do mercado nacional em 2023 (Vasques; Nogueira; Hungria, 2024).

O Brasil se destacou como um dos países líderes no cenário mundial na produção e aplicação de agentes microbiológicos e inimigos naturais no controle de pragas e doenças em grandes áreas agrícolas. Atualmente, o país conta com 26 unidades dedicadas à produção de agentes microbianos e 21 instalações voltadas à criação em larga escala de inimigos naturais (Bueno et al., 2020).

3.2 Fungos Fitopatogênicos

Fungos patogênicos exercem forte influência na dinâmica das plantas, nos ecossistemas agrícolas e naturais. Mesmo em concentrações iniciais reduzidas no solo, esses organismos são capazes de causar a morte de plantas e reduções expressivas na produtividade das culturas (Fernandes et al., 2021).

A capacidade patogênica desses fungos está relacionada a diversos fatores de virulência, como a produção de enzimas que degradam a parede celular vegetal, toxinas, proteínas efetoras, reguladores de crescimento e, em alguns casos, vírus fúngicos. Dentre esses, destacam-se as toxinas fúngicas, metabólitos secundários que, mesmo em baixas concentrações, comprometem funções fisiológicas essenciais, provocando sintomas como necrose, clorose, inibição do crescimento e, eventualmente, a morte da planta hospedeira (Peng et al., 2021).

O fungo *Alternaria alternata* é considerado um dos mais relevantes fitopatógenos na agricultura, devido à sua ampla gama de hospedeiros e ao seu elevado potencial toxigênico. Estima-se que esse patógeno seja capaz de infectar mais de 380 espécies vegetais, provocando sintomas como manchas foliares, apodrecimentos e queimas em diferentes partes das plantas (Tozlu et al., 2018).

A doença conhecida como podridão preta do tomate, provocada por *Alternaria alternata*, está entre os principais problemas fitossanitários da cultura, frequentemente acarretando perdas significativas na indústria de processamento de tomates. Além dos danos diretos às plantas e frutos, esse patógeno é notório pela produção de micotoxinas com importância toxicológica e econômica, como alternariol (AOH), alternariol monometil-éter (AME), altenueno (ALT) e altertoxina I (ATX-I), que afetam a qualidade e a segurança dos alimentos destinados ao consumo humano (FREITAS-SILVA et al., 2001).

3.3 *Serratia marcescens*

Serratia marcescens é um bacilo Gram-negativo, pertencente à família Enterobacteriaceae, comumente encontrado em ambientes como plantas, água e solo. Foi escrita pela primeira vez em 1819 pelo farmacêutico italiano Bartolomeo Bizio, após a observação de uma coloração avermelhada que se desenvolvia em preparações alimentares à base de farinha de milho (Merlino, 1924).

A bactéria *Serratia marcescens* é considerada um agente infeccioso oportunista para humanos em geral, causando doença em indivíduos imunocomprometidos ou debilitados por infecções prévias, ou procedimentos cirúrgicos. Casos envolvendo essa espécie são relatados com frequência em unidades de terapia intensiva, incluindo setores neonatais, onde pacientes apresentam condições mais frágeis. A bactéria é capaz de provocar uma variedade de quadros clínicos, como infecções respiratórias, urinárias, lesões cutâneas, ceratite, septicemia e alterações no sistema nervoso central, demonstrando ampla capacidade de adaptação aos tecidos de hospedeiros (Zivkovic Zaric et al., 2023).

A ocorrência dessas infecções está associada, tanto à produção de fatores que favorecem adesão, invasão e sobrevivência nos hospedeiros, quanto ao aumento da resistência a antimicrobianos, o que dificulta o tratamento. Além disso, situações como debilidade imunológica, permanência prolongada no hospital e intervenções médicas frequentes favorecem o estabelecimento da bactéria (Cosimato et al., 2024).

Apesar desse contexto clínico, nem todas as linhagens de *S. marcescens* apresentam patogenicidade, e muitas delas têm sido documentadas como componentes da microbiota associada a plantas, atuando como bactérias promotoras de crescimento vegetal ou agentes de biocontrole (Hamada; Soliman, 2023). Nos últimos anos, a demanda por estratégias sustentáveis de manejo agrícola incentivou a investigação dessas linhagens não patogênicas, especialmente devido à sua capacidade de produzir metabólitos bioativos, como enzimas extracelulares, sideróforos, lipopeptídeos e compostos antimicrobianos, que podem inibir o desenvolvimento de fitopatógenos ou induzir respostas de defesa em plantas (Akhtar; Younas; Xia, 2025).

Do ponto de vista do controle biológico, *S. marcescens* produz um conjunto de metabólitos secundários, entre eles a prodigiosina, biossurfactantes, sideróforos e enzimas como quitinases e proteases, que exibem atividade antifúngica e inseticida contra diversos alvos fitopatogênicos. Estudos laboratoriais e de estufa mostraram que algumas estirpes reduzem o crescimento de fungos fitopatogênicos e podem atuar contra insetos e nematóides, o que sustenta seu potencial como agente de biocontrole integrado em sistemas agrícolas (Dhar Purkayastha et al., 2018; Pereira et al., 2023).

Apesar do potencial biotecnológico, há preocupações de biossegurança. A mesma plasticidade genética que confere versatilidade ao gênero inclui a presença ocasional de fatores de virulência e determinantes de resistência que podem representar riscos para a saúde humana se cepas inadequadas forem liberadas de forma indiscriminada no ambiente agrícola. Por isso, a seleção de estirpes para aplicações agrícolas deve passar por triagem genômica (busca por genes de virulência e resistência), testes de não patogenicidade em modelos apropriados e avaliações de persistência e mobilidade genética (Liu et al., 2025).

Dessa forma, *S. marcescens* apresenta atributos promissores para uso na agricultura sustentável, como promoção do crescimento, supressão de fitopatógenos e controle de insetos, mas seu emprego prático deve ser guiado por avaliação integrada de eficácia e segurança, incluindo análises genômicas para mitigar riscos de transmissão de gene de resistência ou de ocorrência de efeitos não intencionais sobre organismos não alvos (Khan et al., 2017; Kulkova; Wróbel; Dobrzyński, 2024).

3.4 *Serratia marcescens* como bactéria promotora de crescimento em plantas

A espécie *Serratia marcescens* tem sido cada vez mais reconhecida como uma rizobactéria promotora de crescimento vegetal (PGPR), apresentando múltiplos atributos benéficos para as plantas. Estudos genômicos recentes revelaram que cepas de *S. marcescens* isoladas do solo ou de alimentos possuem genes associados à solubilização de fósforo, produção de auxina (IAA) e formação de biofilme, características fundamentais para a promoção de crescimento vegetal (Silva et al., 2022). Em particular, uma cepa endofítica de *S. marcescens* isolada de rizosfera de arroz demonstrou capacidade de solubilizar fósforo pouco disponível, modificar a arquitetura do sistema radicular e formar biofilmes sobre raízes, resultando em aumentos significativos da biomassa vegetal sob condições de baixo fósforo (De Oliveira et al., 2024)

Além desses mecanismos, *S. marcescens* também desempenha papel relevante na aquisição de ferro por meio da produção de sideróforos, moléculas de alta afinidade por Fe^{3+} . Em condições aeróbias, o ferro tende a se oxidar de Fe^{2+} para Fe^{3+} , tornando-se pouco disponível devido à formação de complexos insolúveis. Para superar essa limitação, diversas bactérias, incluindo *Serratia*, sintetizam sideróforos capazes de quelar Fe^{3+} e facilitar sua captação (Kannan; Bastas, 2015).

Esse mecanismo não apenas garante o suprimento de ferro para a bactéria, mas também contribui indiretamente para o controle biológico: ao sequestrar ferro na rizosfera, a bactéria reduz a disponibilidade do metal para patógenos, dificultando seu crescimento e colonização (Kashyap et al., 2023). Assim, a produção de sideróforos constitui um importante componente tanto da promoção de crescimento quanto da supressão microbiana.

S. marcescens também pode modular hormônios vegetais: uma subespécie identificada como *PLR* (Promoting Lateral Root) induz a formação de raízes laterais em *Arabidopsis* por meio da estimulação da via de sinalização do auxina e aumento da síntese de IAA dependente de triptofano (Zhang et al., 2022). Esse mecanismo de produção hormonal microbiana, aliado à promoção de estrutura radicular, sugere um forte potencial de aplicação agrônômica para aumento de rendimento das culturas.

Outro ponto importante de *S. marcescens* é sua capacidade de solubilizar fosfatos insolúveis. A cepa Pt-3 tem demonstrado elevada atividade de solubilização de fosfato em estudos *in vitro* e em solo, além de produzir compostos voláteis antifúngicos que suprimem patógenos fúngicos significativos (Gong et al., 2022). Essa combinação de biofertilização e biocontrole destaca o potencial dual da bactéria em promover o crescimento vegetal. Estudos de inoculação prática também corroboram esses achados genômicos e fisiológicos: a cepa *S. marcescens* LYGN1 (Zhang et al., 2024), por exemplo, reconfigura a comunidade microbiana da rizosfera de plântulas de pepino e pimenta, aumentando diâmetro das raízes e biomassa das plântulas, o que reforça sua atuação como promotor de crescimento.

Serratia marcescens combina vias metabólicas (solubilização de fosfato), regulação hormonal (produção de auxina) e adaptação estrutural (biofilme, colonização) para atuar como microrganismo promotor de crescimento. Esses atributos a tornam candidata valiosa para bioinoculantes, especialmente em sistemas agrícolas sustentáveis que buscam reduzir o uso de fertilizantes químicos.

3.5 Mecanismos de antagonismo bacteriano contra fungos fitopatogênicos

Bactérias endofíticas limitam, com frequência, o avanço de patógenos vegetais graças à produção de substâncias antimicrobianas e de enzimas capazes de degradar estruturas fúngicas ou interferir no seu desenvolvimento. Além dessa

ação direta, elas também podem ativar respostas de defesa da planta, desencadeando mecanismos de resistência sistêmica que aumentam a capacidade do hospedeiro de reagir a futuras infecções (Ali et al., 2024).

Estudos empíricos demonstram a eficácia dessa estratégia. Por exemplo, consórcios de *Pseudomonas* que produzem sideróforos foram capazes de suprimir *Ralstonia solanacearum* em tomate, e essa supressão foi intensificada em condições de ferro limitado, o que evidencia a importância da produção de sideróforos em cenários agrícolas (Shao et al., 2024). Em outro trabalho, isolados de *Pseudomonas fluorescens* demonstraram forte atividade de biocontrole contra *Fusarium oxysporum* em laboratório, justamente pela capacidade de reduzir a concentração de ferro disponível para o fungo por meio do sequestro siderofórico (Abo-Zaid et al., 2023).

A capacidade de bactérias antagônicas, de colonizar superfícies vegetais, depende de um conjunto de atributos fisiológicos e estruturais que favorecem a adesão, multiplicação e persistência nesses ambientes. Entre esses atributos, a formação de biofilmes destaca-se como um dos principais mecanismos ecológicos, uma vez que permite a organização de microcolônias imersas em uma matriz extracelular composta por proteínas, polissacarídeos e DNA extracelular, aumentando a resistência das células às condições ambientais adversas (Flemming; Wingender, 2010). A produção dessa matriz é regulada por sistemas de *quorum sensing*, que modulam a expressão de genes relacionados à coesão celular, estrutura do biofilme e secreção de compostos extracelulares a partir da percepção populacional de sinais químicos (Mukherjee; Bassler, 2019). Esses sistemas regulatórios também desempenham papel crucial na competição contra fitopatógenos, uma vez que biofilmes maduros funcionam como barreiras físicas e químicas, limitando o avanço de agentes infecciosos sobre superfícies vegetais (Costa; Raaijmakers; Kuramae, 2018).

Em diferentes patossistemas, tem sido demonstrado que a capacidade de produzir biofilmes está diretamente relacionada à eficiência antagonista. Em *Bacillus subtilis*, um dos modelos mais estudados, a matriz é composta principalmente das proteínas TasA e TapA, além de polissacarídeos de alto peso molecular, que conferem estabilidade estrutural e promovem a adesão às raízes (Sharipova et al., 2021). A proteína hidrofóbica BslA também desempenha papel essencial na arquitetura final do biofilme, conferindo proteção adicional contra estresses

ambientais (Kobayashi; Iwano, 2012). Essa estrutura favorece o estabelecimento da bactéria na rizosfera e contribui para a exclusão competitiva de fitopatógenos. Estudos demonstram que *Paenibacillus polymyxa* forma biofilmes densos em superfícies radiculares, protegendo culturas agrícolas contra doenças (Haggag; Timmusk, 2008), e que mutantes mucoides de *Pseudomonas fluorescens* apresentam maior capacidade de colonizar raízes devido ao incremento na produção de matriz extracelular (Bianciotto et al., 2001).

A produção de compostos orgânicos voláteis (VOCs) e de metabólitos antimicrobianos não voláteis é um dos principais mecanismos de antibiose empregados por bactérias antagonistas na supressão de fitopatógenos. Esses compostos representam uma via de interação microbiana altamente eficiente, pois podem atuar mesmo sem contato físico direto entre microrganismos, difundindo-se no ambiente e interferindo no crescimento, esporulação e virulência de fungos fitopatogênicos. Os VOCs bacterianos constituem uma mistura complexa de moléculas de baixa massa molar, incluindo álcoois, cetonas, aldeídos, ácidos graxos, terpenos e compostos sulfurados. Em estudos envolvendo bactérias promotoras de crescimento vegetal e agentes de biocontrole, foi demonstrado que VOCs podem inibir fortemente o desenvolvimento de fungos como *Alternaria alternata*, *Fusarium oxysporum* e *Colletotrichum* spp. (Cordovez et al., 2015). Cepas de *Serratia marcescens* são descritas como produtoras de compostos sulfurados, como dimetil dissulfeto (DMDS), que apresenta potente atividade antifúngica ao interferir na integridade da membrana e no metabolismo energético dos patógenos (Fernando et al., 2005; Plyuta et al., 2016).

Além de VOCs, diversos metabólitos não voláteis desempenham papéis essenciais na antibiose. Em *Serratia marcescens*, destaca-se a produção do pigmento prodigiosina, composto com reconhecida atividade anti fúngica, bacteriana e imunomoduladora. Estudos demonstram que a prodigiosina pode causar despolarização de membrana, formação de espécies reativas de oxigênio (ROS) e desestruturação da parede celular de fungos, resultando em inibição micelial significativa (Darshan; Manonmani, 2015).

Tanto VOCs quanto compostos não voláteis podem atuar de maneira complementar. Enquanto os VOCs permitem ação à distância, afetando patógenos mesmo sem contato físico, os metabólitos solúveis e enzimas degradativas

intensificam a supressão quando ocorre proximidade entre os microrganismos. Esse conjunto de mecanismos explica por que bactérias como *Serratia*, *Pseudomonas* e *Bacillus* são amplamente estudadas e aplicadas como agentes de biocontrole em diferentes sistemas agrícolas (Ling et al., 2022).

3.6 Análise genômica aplicada ao biocontrole

A análise genômica tornou-se uma ferramenta essencial para compreender os mecanismos que sustentam o potencial de microrganismos benéficos como agentes de biocontrole. Em bactérias associadas a plantas, a genômica permite identificar genes relacionados à produção de metabólitos antimicrobianos, síntese de enzimas hidrolíticas, competição por nutrientes, modulação hormonal e mecanismos de colonização vegetal (Wang et al., 2023).

A análise genômica de cepas de *Serratia marcescens* tem fornecido percepções valiosas sobre os mecanismos moleculares envolvidos em sua capacidade como agentes de biocontrole. Por exemplo, a cepa N4-5, conhecida por sua atividade antagonista contra fitopatógenos, teve seu genoma completamente sequenciado, revelando genes potenciais relacionados ao controle biológico, como aqueles envolvidos na produção de metabólitos secundários, sinalização por *quorum-sensing* e resistência (Jeong; Kloepper; Ryu, 2015).

Em outra cepa, RSC-14, isolada de raízes de *Solanum nigrum*, o genoma mostrou a presença de genes vinculados à síntese de indol-3-acético (IAA), solubilização de fosfato e produção de enzimas antioxidantes, elucidando a base genética de sua ação promotora de crescimento e tolerância a metais pesados (Khan et al., 2017). Estudos genômicos também identificaram reguladores pleiotrópicos, como RpoS, que modulam diversos mecanismos de adaptação, incluindo motilidade, formação de biofilme, produção de sideróforos e prodigiosina (Qin et al., 2020). A regulação coordenada dessas funções permite que *S. marcescens* ajuste seu comportamento conforme o ambiente, o que é crucial para colonização, competição e supressão de patógenos.

Outro ponto de destaque na análise genômica aplicada ao biocontrole é a detecção de genes associados à colonização vegetal, incluindo sistemas de secreção (tipo I, II e VI), formação de biofilme e motilidade flagelar, considerados essenciais para o estabelecimento e persistência de bactérias benéficas na rizosfera

(Venturi; Keel, 2016). Esses fatores permitem que a bactéria ocupe nichos ecológicos preferenciais, formando microcolônias protetoras que atuam como barreiras contra fitopatógenos e facilitam interações benéficas com o hospedeiro vegetal.

A análise genômica também é indispensável para avaliar biossegurança, especialmente em gêneros como *Serratia*, que possuem linhagens oportunistas. A triagem genômica para genes de virulência clássica, determinantes de patogenicidade e resistência antimicrobiana permite identificar cepas ambientais seguras para uso agrônomo, distinguindo-as de variantes potencialmente patogênicas. Assim, a integração entre dados de sequenciamento, anotação funcional e ferramentas bioinformáticas possibilita avaliações completas, reduzindo riscos e direcionando o uso responsável de microrganismos como agentes de biocontrole.

3.7 Resistência antimicrobiana em bactérias ambientais

A resistência antimicrobiana (RAM) representa a capacidade de microrganismos, de sobreviver ou proliferar mesmo na presença de agentes antimicrobianos que anteriormente eram capazes de eliminá-los ou inibir seu crescimento. Esse fenômeno compromete a eficácia terapêutica dos medicamentos, dificultando o tratamento de infecções e favorecendo sua persistência no hospedeiro. Como consequência, aumentam-se as chances de disseminação para outros indivíduos, a duração das enfermidades e, em situações mais graves, a mortalidade associada a patógenos resistentes (Fletcher, 2015).

Embora a RAM seja amplamente discutida no contexto clínico, cepas ambientais também desempenham papel nesse cenário, pois atuam como importantes reservatórios de genes de resistência. Em ambientes naturais e agrícolas, microrganismos são constantemente expostos a moléculas antimicrobianas naturais, compostos produzidos por outros microrganismos e resíduos de antibióticos utilizados na agropecuária (Fletcher, 2015).

Os agentes antimicrobianos são tradicionalmente classificados conforme seu principal alvo celular, abrangendo mecanismos como a inibição da síntese da parede celular (β -lactâmicos, glicopeptídeos), bloqueio da síntese proteica (tetraciclina, aminoglicosídeos, macrolídeos), interferência na replicação e transcrição do DNA

(fluoroquinolonas, rifamicinas), inibição de vias metabólicas essenciais (sulfonamidas e trimetoprima) ou desestabilização da membrana citoplasmática (polimixinas, daptomicina) (Kohanski; Dwyer; Collins, 2010).

A aquisição de novos determinantes de resistência ocorre principalmente por conjugação, transformação natural ou transdução mediada por bacteriófagos, frequentemente facilitada por transposons, integrons e plasmídeos que carregam múltiplos genes e aceleram sua disseminação entre diferentes espécies bacterianas (Partridge et al., 2018).

O uso extensivo de antimicrobianos em ambientes clínicos, agrícolas e pecuários exerce forte pressão seletiva, enriquecendo populações resistentes e permitindo que mecanismos de resistência se acumulem e se dispersem rapidamente. Evidências clínicas demonstram esse processo, como mutações e transferência horizontal levaram ao surgimento de *Staphylococcus aureus* resistente à vancomicina, ameaçando o tratamento de infecções graves (Arthur; Courvalin, 1993) e o aumento global de *Escherichia coli* produtoras de β -lactamases de espectro estendido comprometeu a eficácia de cefalosporinas de terceira geração (Pitout; Laupland, 2008).

Nesse contexto, o gênero *Serratia* merece atenção. Mesmo contendo espécies oportunistas capazes de adquirir genes de resistência antimicrobiana, cepas ambientais frequentemente exibem um repertório genético diferente das linhagens hospitalares, com significativamente menos genes adquiridos de resistência. Estudos comparativos de genomas mostram que, em cepas ambientais, os genes de resistência tendem a estar mais associados à sua resistência intrínseca, particularmente por meio de sistemas de efluxo, ao invés de elementos móveis patogênicos (Sandner-Miranda et al., 2018).

Além disso, análises genômicas de *Serratia marcescens* isoladas de ambientes agrícolas revelaram que algumas dessas linhagens carregam genes relacionados à promoção vegetal, como produção de IAA, solubilização de fosfato e formação de biofilme, sem a presença de determinantes clássicos de virulência (Matteoli et al., 2018).

A caracterização genômica é fundamental para distinguir cepas seguras, com potencial biotecnológico, daquelas com riscos para a saúde. Esse tipo de análise permite selecionar isolados de *Serratia* que possam ser usados como agentes de

biocontrole, minimizando o perigo de disseminação de resistência ou patogenicidade.

3.8 Desafios e perspectivas na utilização de bioinoculantes

Apesar do avanço no desenvolvimento de bioinsumos microbianos, a adoção de bioinoculantes na agricultura ainda enfrenta diversos desafios que limitam sua eficácia e estabilidade em campo. Um dos principais entraves é a variabilidade das condições ambientais, que influencia diretamente a sobrevivência, colonização e atividade metabólica dos microrganismos aplicados. Fatores como temperatura, pH, umidade, radiação UV e disponibilidade de nutrientes podem comprometer o estabelecimento do inoculante na rizosfera, resultando em desempenho inconsistente quando comparado às condições controladas de laboratório (Backer et al., 2018).

Outro desafio significativo envolve a competição microbiana. Quando introduzido no ambiente, o inoculante precisa competir com comunidades microbianas já estabelecidas, muitas vezes altamente adaptadas ao nicho ecológico. A competição por espaço, nutrientes, sinais químicos e interação com plantas hospedeiras pode restringir o sucesso do inoculante, reduzindo sua eficiência de colonização e ação biocontroladora (Yusuf et al., 2025). Além disso, a interação entre microrganismos introduzidos e microbiomas nativos pode produzir efeitos imprevisíveis, tanto sinérgicos quanto antagônicos, exigindo estudos aprofundados de compatibilidade.

No contexto regulatório, muitos países ainda apresentam marcos legais incompletos e inconsistentes para registro, fiscalização e comercialização de bioinsumos. A ausência de padronização global dificulta a validação científica dos produtos e limita a entrada de novas tecnologias no mercado. Para além da legislação, há dificuldades relacionadas aos processos de formulação, uma vez que microrganismos viáveis necessitam de carreadores e aditivos compatíveis que garantam estabilidade, durabilidade e facilidade de aplicação sem comprometer sua viabilidade biológica (Vessey, 2003). Nos últimos anos, o mercado brasileiro de bioinsumos voltados ao controle biológico tem apresentado um crescimento significativo, refletindo maior adesão por parte do setor agrícola e ampliação do número de produtos registrados (Bortoloti; Sampaio, 2024).

Apesar desses desafios, as perspectivas para o uso de bioinoculantes são amplamente positivas. Avanços em genômica, transcriptômica, proteômica e metabolômica, têm permitido identificar genes, vias metabólicas e mecanismos funcionais responsáveis pela promoção de crescimento vegetal e biocontrole, possibilitando o desenvolvimento de cepas mais eficientes e mais bem-adaptadas a diferentes ambientes agrícolas.

Dentro desse cenário, *Serratia marcescens* surge como um microrganismo promissor devido ao seu amplo repertório genético associado à produção de sideróforos, enzimas hidrolíticas, compostos voláteis e reguladores de crescimento vegetal. Todavia, para que cepas ambientais de *S. marcescens* possam ser empregadas com segurança, é essencial realizar análises genômicas detalhadas para descartar genes de virulência e resistência associados a linhagens clínicas.

4 METODOLOGIA

4.1 Reativação do microorganismo e avaliação de crescimento

O isolado *Serratia marcescens* LB1 foi obtido a partir de um cultivo primário derivado de material vegetal enriquecido com bactérias endofíticas provenientes de folhas de cana-de-açúcar (*Saccharum* sp.) cultivadas sob sistema orgânico (Teheran-Sierra et al., 2021). Para a reativação, o isolado foi inoculado em meio Luria-Bertani (LB) a partir de uma solução estoque previamente armazenada a -80°C.

A curva de crescimento foi determinada com base na variação da densidade óptica (DO) da cultura bacteriana. A cultura foi incubada a 30°C, e inicialmente ajustada para uma DO de 0,1 a 600 nm (DO₆₀₀) utilizando um espectrofotômetro. As medições de DO₆₀₀ foram realizadas periodicamente ao longo de um intervalo de até 40h, permitindo a construção da curva de crescimento e a identificação das diferentes fases do desenvolvimento bacteriano.

Paralelamente, foram obtidos os valores de unidades formadoras de colônia (UFC/mL) por meio da técnica de diluição seriada (diluição 1:10), bem como o pH do meio de cultivo, o qual foi monitorado com auxílio de um pHmetro calibrado. A coleta dos dados de pH foi realizada nos mesmos intervalos utilizados para as medições de DO₆₀₀, possibilitando correlacionar o crescimento celular com alterações no pH do meio ao longo do tempo.

4.2 Avaliação fenotípica em ágar sangue

A cepa bacteriana foi inoculada em placas contendo ágar sangue e incubada a 26 °C por 24 h, com o objetivo de observar o padrão de crescimento, características morfológicas das colônias e o tipo de hemólise produzido: beta-hemólise (lise completa, halo transparente), alfa-hemólise (lise parcial, halo esverdeado) e gama-hemólise (sem lise, sem halo) (FACKLAM; WASHINGTON, 1989).

Essa análise fenotípica complementa a identificação da linhagem, permitindo verificar a presença ou ausência de atividade hemolítica, característica relevante para diferenciar cepas ambientais de potenciais linhagens patogênicas.

4.3 Ensaio de antagonismo

Para a avaliação da atividade antagonista, foram utilizados isolados de fungos fitopatogênicos provenientes de diferentes culturas, incluindo *Fusarium verticillioides*, *Fusarium oxysporum*, *Colletotrichum musae*, *Alternaria alternata*, *Stagonosporopsis cucurbitacearum* e *Colletotrichum eriobotryae*, disponíveis na coleção do laboratório da faculdade. Esses fungos foram selecionados com base em resultados preliminares que indicaram atividade inicial relevante, sugerindo potencial para interações significativas nos ensaios de antagonismo.

Os testes foram conduzidos empregando três abordagens experimentais distintas: (i) cultivo completo, (ii) cultivo filtrado e (iii) ensaios com compostos orgânicos voláteis (VOCs).

Nos ensaios com cultivo completo, 100 µL do cultivo bacteriano foram inoculados em uma das extremidades de placas de Petri contendo meio Batata-Dextrose-Ágar (BDA). Na extremidade oposta, foi depositado um disco fúngico de 8 mm de diâmetro.

Para os ensaios com cultivo filtrado, as culturas bacterianas foram centrifugadas para a remoção das células, e o sobrenadante foi esterilizado por filtração, utilizando filtros Millipore de 0,22 µm. Em seguida, 100 µL do filtrado foram aplicados em uma extremidade das placas contendo meio BDA, enquanto o disco fúngico (8 mm) foi posicionado na extremidade oposta.

A avaliação da atividade antagonista mediada por compostos orgânicos voláteis (VOCs) foi realizada utilizando duas placas de Petri de mesmo diâmetro, posicionadas uma sobre a outra e vedadas com Parafilm®. A placa inferior, contendo meio LB sólido, foi inoculada com 100 µL do cultivo bacteriano, enquanto a placa superior, contendo meio BDA, recebeu o disco fúngico (8 mm). As placas foram incubadas a 27 °C por sete dias. Os controles negativos foram preparados de forma idêntica, excetuando-se a inoculação bacteriana.

O crescimento micelial dos fungos foi monitorado a cada 24 horas até o completo recobrimento da placa controle. A taxa de inibição do crescimento micelial *in vitro* (R) foi determinada pela equação: $R (\%) = \frac{D1 - D2}{D1 - D0} \times 100$, onde R é o percentual de inibição, D1 o diâmetro micelial do controle negativo, D2 o diâmetro da placa tratada, e D0 o diâmetro original do micélio (8 mm) do tampão de ágar fúngico (GAO et al., 2018). O experimento foi realizado em triplicata.

4.4 Experimento de germinação

Sementes de tomate-cereja vermelho (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*) foram utilizadas para a avaliação do índice de velocidade de germinação (IVG), bem como do comprimento do hipocótilo e da radícula, conforme metodologia descrita por Maguire (1962).

Foram distribuídas 17 sementes por placa de Petri contendo papel germitest, submetidas a dois tratamentos distintos: solução salina 0,85% estéril (controle negativo), inóculo bacteriano com concentração de $1,54 \times 10^9$ UFC/mL.

A superfície das sementes foi previamente esterilizada com etanol 70% (v/v) por um minuto, seguida de três lavagens sucessivas em água Milli-Q estéril. Em seguida, as sementes foram imersas por cinco minutos em 20 mL da respectiva solução.

As sementes tratadas foram incubadas em câmara de crescimento mantida a 26°C, sob fotoperíodo de 16 horas de luz e 8 horas de escuro. Durante sete dias, foram monitorados os parâmetros de germinação e desenvolvimento. Ao final do experimento, foram realizadas avaliações morfobiométricas, incluindo a medição do comprimento do hipocótilo e da radícula.

Os dados de comprimento do hipocótilo e da radícula foram inicialmente avaliados quanto à homogeneidade de variâncias por meio do teste de Levene

(LEVENE, 1960). Como ambas as variáveis apresentaram variâncias heterogêneas ($p < 0.05$), optou-se por utilizar testes estatísticos não paramétricos. As comparações entre os dois tratamentos (solução salina e inoculação bacteriana) foram realizadas por meio do teste de Wilcoxon-Mann-Whitney (MANN; WHITNEY, 1947). Todas as análises foram conduzidas no *software* R v2025.09.2+418.

4.5 Experimento *in planta*

O experimento foi conduzido com o objetivo de avaliar o efeito da inoculação de *Serratia marcescens* LB1 no desenvolvimento inicial de plantas de tomate-cereja (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*). Foram estabelecidos dois tratamentos experimentais: sementes inoculadas com a bactéria (T3) e sementes não inoculadas (controle) (T1). A suspensão bacteriana utilizada para a inoculação apresentou concentração estimada em $6,7 \times 10^8$ UFC/mL.

No dia do plantio, 100 μ L da suspensão bacteriana foram aplicados diretamente sobre cada semente ainda não germinada, já posicionada no solo. As plantas foram mantidas em cultivo por 27 dias, sob irrigação regular e exposição à luz natural indireta. Ao final desse período, as plantas foram removidas cuidadosamente do solo, lavadas e submetidas às medições biométricas. Foram registrados: quantidade de folhas, a altura da parte aérea, o comprimento da raiz, a massa fresca da parte aérea e a massa fresca da raiz, a massa seca da parte aérea e a massa seca da raiz. Em seguida, o material vegetal foi colocado em estufa de circulação forçada a 60 °C até atingir peso constante, permitindo a obtenção da massa seca da parte aérea e da massa seca da raiz.

Os dados obtidos para cada variável de crescimento foram inicialmente avaliados quanto aos pressupostos de normalidade e homogeneidade de variâncias. A normalidade dos resíduos foi verificada por meio do teste de Shapiro–Wilk (SHAPIRO; WILK, 1965), enquanto a homogeneidade das variâncias entre os tratamentos foi avaliada pelo teste de Levene.

Atendidos os pressupostos paramétricos, procedeu-se à comparação das médias entre os tratamentos utilizando ANOVA de uma via (one-way ANOVA). Quando aplicável, as diferenças entre médias foram exploradas mediante o teste pós-hoc Tukey HSD. Para todas as análises, adotou-se um nível de significância de 5% ($p < 0,05$). Todas as análises foram realizadas no *software* R v2025.09.2+418.

4.6 Sequenciamento e controle de qualidade de leitura

O DNA genômico bacteriano foi extraído utilizando o kit MagAttract® HMW DNA (QIAGEN), seguindo o protocolo de purificação manual recomendado para bactérias Gram-negativas, com adaptações para garantir a integridade das moléculas de DNA de alto peso molecular. As etapas envolveram lise celular com Proteinase K em agitador térmico Eppendorf Thermomixer, lavagem das partículas magnéticas em rack magnético, remoção cuidadosa de contaminantes e eluição final do DNA em tampão apropriado.

Após a extração, a qualidade e a pureza do DNA foram avaliadas por espectrofotometria utilizando o Nanodrop 2000 (Thermo Scientific), enquanto a quantificação precisa foi realizada por fluorimetria com o sistema Qubit 4 (Invitrogen). A integridade das moléculas também foi confirmada por eletroforese em gel. O DNA considerado adequado (alta pureza, razão A260/280 próxima de 1,8–2,0 e concentração superior a 50 ng/μL) foi utilizado para o sequenciamento. A etapa de sequenciamento foi conduzida na plataforma MinION (Oxford Nanopore Technologies), que emprega tecnologia de leitura longa e permite a obtenção de fragmentos extensos, fundamentais para montagem genômica de alta qualidade.

O reconhecimento das bases e atribuição de qualidade (*basecalling*) foi realizado com o programa Dorado basecaller v.1.1.1+e72f1492 (Oxford Nanopore Technologies, 2024), utilizando o modelo “dna_r10.4.1_e8.2_400bps_sup@v4.3.0”.

As leituras obtidas com o sequenciamento foram primeiramente submetidas ao controle de qualidade para remoção de artefatos técnicos, bases ambíguas e fragmentos de baixa qualidade. Para isso, foi utilizado o programa PRINSEQ v.0.20.4 (Schmieder; Edwards, 2011) que utiliza algoritmos de filtragem e limpeza baseados em critérios de qualidade média das bases e comprimento mínimo das sequências, assegurando a retenção apenas das leituras com integridade e fidelidade adequadas para a etapa de montagem.

Dessa forma, as sequências foram mantidas apenas se tiverem comprimento mínimo de 100 pares de bases e média de qualidade mínima igual a 30. Leituras contendo mais de 1% de bases N ou que incluam caracteres representantes de nucleotídeos fora do padrão IUPAC são removidas.

Também foi aplicada uma filtragem por complexidade usando o método baseado em entropia, excluindo sequências cuja complexidade seja inferior ao limiar estabelecido (50). Em seguida, são aparadas bases indefinidas (N) nos extremos, removendo até cinco bases à esquerda e à direita quando presentes.

O processo inclui ainda a poda de bases (*trimming*) por qualidade em ambas as extremidades: corta à direita bases com média de qualidade inferior a 25 e à esquerda bases com média inferior a 30. Esse *trim* é feito, usando média de qualidade em janelas deslizantes de três bases, aplicando a regra de corte quando a qualidade média da janela for menor que o limite definido. O deslocamento definido para a janela é de um nucleotídeo por vez.

A qualidade das leituras antes e após o processamento foi avaliada por meio de relatórios de FastQC (Andrews, 2010), permitindo a inspeção visual de padrões de qualidade das leituras no sequenciamento.

4.7 Montagem genômica e identificação taxonômica

A montagem *de novo* do genoma foi realizada utilizando o software Flye v2.9.6 (Kolmogorov et al., 2019), configurado para leituras longas de alta qualidade (--nano-hq), considerando um tamanho genômico estimado de 5 Mb. Após a montagem inicial, a etapa de circularização dos *contigs* foi conduzida com o Circlator (Hunt et al., 2015), permitindo ajustar os pontos de início e término das sequências, bem como distinguir o cromossomo de possíveis plasmídeos.

As leituras foram alinhadas às sequências montadas utilizando minimap2 (modo *map-ont*) (Li, 2018) e os arquivos resultantes foram processados com samtools (LI et al., 2009) para indexação e manipulação para inspeção visual no programa *Integrative Genomics Viewer* (IGV) v.3.4.0 (Robinson et al., 2023). Em seguida, a correção de erros foi realizada por meio do Medaka (Oxford Nanopore Technologies, 2018), complementada por um polimento adicional com o Dorado polish, utilizando alinhamentos gerados pelo Dorado aligner, após a exclusão de alinhamentos secundários e suplementares.

A avaliação da qualidade estrutural e da completude da montagem foi conduzida com BUSCO v5 (Manni et al., 2021), empregando como referência os genes essenciais (*core genes*) de bactérias (*bacteria_odb12*), e, especificamente, de bactérias da ordem Enterobacterales. As métricas de desempenho, como N50,

número de contigs e porcentagem de cobertura, e outras métricas da montagem foram obtidas com Inspector v.1.3.1 (CHEN et al., 2021) e QUAST v.5.2.0 (Gurevich et al., 2013). A uniformidade da cobertura ao longo do genoma foi estimada a partir do resultado de alinhamento realizado na etapa anterior com minimap2. O cálculo da uniformidade foi realizado utilizando samtools depth combinado com código awk. A uniformidade mede quanto a cobertura das leituras é homogênea ao longo do genoma montado. Em uma montagem ideal, a cobertura é constante em toda a extensão do genoma, não há regiões com picos exagerados ou quedas bruscas. Uma alta uniformidade representa uma montagem mais confiável, sem regiões supercolapsadas ou mal representadas.

A identificação taxonômica da cepa foi realizada por meio da plataforma Type Strain Genome Server (TYGS) v403 (Meier-Kolthoff; Göker, 2019), que compara o genoma da amostra com genomas-tipo depositados em bancos de referência. A similaridade genômica entre a amostra e cepas-tipo foi estimada por *digital DNA–DNA hybridization* (dDDH) utilizando o GGDC implementado no servidor TYGS. O método baseia-se na identidade média dos segmentos de alta correspondência (HSPs) gerados por BLAST+, ajustada pelo tamanho dos alinhamentos. Além das estimativas de hibridização, a análise com TYGS também avalia conteúdo G+C e tamanho dos genomas, permitindo a confirmação da posição taxonômica da cepa.

A plataforma TYGS também gera um filograma utilizando um método filogenômico baseado em distâncias genômicas (GDBP) (Meier-Kolthoff et al., 2013), utilizando GGDC (*Genome-to-Genome Distance Calculator*), que é a base do TYGS. O GDBP é um modelo que usa a matriz de distâncias genômicas calculadas pelo GGDC para inferir uma árvore filogenômica e estimar suporte estatístico entre os genomas sob avaliação.

A qualidade da montagem genômica foi avaliada com o programa CheckM (Parks et al., 2015), que estima completude e contaminação, a partir da presença e integridade de marcadores gênicos específicos da linhagem taxonômica atribuída à montagem em questão. A completude e a contaminação do genoma são parâmetros essenciais para validar a confiabilidade da montagem e a consistência das anotações subsequentes.

A representação gráfica do cromossomo completo foi realizada utilizando o software DNAPlotter v18.2.0 (Carver et al., 2009), que permite a visualização da estrutura genômica em formato circular. Foram incorporadas camadas informativas representando genes codificadores, regiões hipotéticas, conteúdo GC e variações locais no desvio GC, facilitando a interpretação visual da organização genômica e da distribuição dos elementos codificadores.

4.8 Predição e anotação gênica

A anotação funcional e estrutural do genoma foi conduzida utilizando a versão *stand-alone* do NCBI Prokaryotic Genome Annotation Pipeline (PGAP) (Tatusova et al., 2016). Esse pipeline possibilita a detecção de genes codificadores de proteínas, RNAs ribossomais (rRNAs), RNAs transportadores (tRNAs) e demais componentes genéticos, assegurando a avaliação da completude e integridade da anotação. Além disso, o PGAP também executa a análise de Average Nucleotide Identity (ANI), fornecendo suporte complementar para confirmação da identidade taxonômica em nível de espécie.

Para a identificação de genes relacionados à resistência antimicrobiana e virulência, o genoma foi analisado utilizando o *software* ABRicate (SEEMANN, 2024). A ferramenta foi empregada com diferentes bancos de dados especializados, incluindo NCBI (Feldgarden et al., 2019), CARD (Jia et al., 2017), MEGARes (Doster et al., 2020), VFDB (Chen et al., 2016), PlasmidFinder (Carattoli et al., 2014) e *ecoli_vf* (Ingle et al., 2016). Essa abordagem permitiu a detecção *in silico* de genes potencialmente associados à resistência a antibióticos, mecanismos de virulência, elementos de mobilidade genética e sistemas de manutenção plasmidial, contribuindo para a avaliação do potencial de risco biológico e da segurança do uso da cepa.

Para a detecção adicional de possíveis fatores de virulência, as proteínas anotadas pelo PGAP foram analisadas por meio de buscas BLASTp contra o banco VICTORS v2022 (PHIDIAS) (SAYERS, et al., 2019), que reúne proteínas associadas à virulência previamente validadas experimentalmente. As análises foram realizadas utilizando os filtros mínimos de 90% de identidade e 80% de cobertura, seguindo recomendações do banco. Essa abordagem permitiu identificar proteínas regulatórias e de manutenção celular descritas como relacionadas à patogênese em

organismos modelo, permitindo complementar a avaliação dos potenciais determinantes de virulência da cepa.

Adicionalmente, as proteínas codificadas no genoma foram submetidas ao PIFAR-Pred, ferramenta destinada à predição de fatores de interação planta-bactéria (*Plant Interaction Factors and Related Proteins*) (Patz et al., 2021). Essa análise utiliza estratégias combinadas de alinhamento por similaridade (blastp) e modelagem baseada em perfis probabilísticos por *Hidden Markov Models* (HMM), permitindo identificar proteínas potencialmente envolvidas em processos de colonização vegetal, adesão, resposta ao estresse, competição microbiana e promoção de crescimento. Com isso, foi possível inferir, de maneira funcional, os possíveis mecanismos moleculares associados à interação da cepa com o hospedeiro vegetal.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Reativação do microorganismo e avaliação de crescimento

Os resultados obtidos para a curva de crescimento demonstraram um padrão típico de bactérias de rápido crescimento em meio líquido, com aumento expressivo da DO₆₀₀ e da contagem de unidades formadoras de colônia (UFC/mL) nas primeiras horas de incubação, seguido pela estabilização das curvas (Figura 1). Esse comportamento é compatível com o descrito para espécies do gênero *Serratia*, especialmente *S. marcescens*, que apresenta crescimento exponencial acentuado nas primeiras horas de cultivo e posterior transição para a fase estacionária à medida que os nutrientes se tornam limitantes (Rodrigues et al., 2018).

No presente experimento, a DO₆₀₀ aumentou de forma contínua até aproximadamente 8h de cultivo, acompanhada por elevação do número de células viáveis de $3,4 \times 10^6$ para $3,2 \times 10^9$ UFC/mL, indicando alta atividade metabólica e taxa de multiplicação celular compatível com a fase logarítmica descrita para *S. marcescens* em estudos prévios (Kaira et al., 2015). Após esse período, a estabilização das curvas sugere a entrada na fase estacionária, momento em que ocorre equilíbrio entre divisão e morte celular, também relatado para cepas da espécie cultivadas em meios ricos, com máximo de crescimento em torno de 8 a 12h (Novaková et al., 2015).

As variações observadas no pH do meio ao longo do tempo refletem diretamente o metabolismo bacteriano durante as diferentes fases de crescimento (Figura 2). A queda inicial do pH de 7,0 para cerca de 6,1 nas primeiras duas horas pode estar relacionada à produção de ácidos orgânicos durante o metabolismo ativo de carboidratos, conforme descrito por Harimawan et al. (2017). O subsequente aumento para valores próximos de 8,5 entre 4 e 8 h indica a liberação de metabólitos alcalinos, como amônia e aminas biogênicas, resultantes da degradação de compostos nitrogenados, comum em culturas de *S. marcescens* (Novaková et al., 2015). Após esse pico, o pH tende à neutralização, permanecendo próximo de 6,7 a 7,0 nas fases finais, o que sugere redução da atividade metabólica e estabilização do sistema.

De modo geral, o perfil de crescimento e as variações de pH observados neste estudo são coerentes com os descritos para cepas de *Serratia marcescens* em diferentes condições de cultivo. Essa espécie é reconhecida por sua ampla faixa de tolerância a pH, crescendo em meios ligeiramente ácidos a alcalinos, com ótimo entre 6 e 8 (Kaira et al., 2015).

Figura 1 – Curva de crescimento de *Serratia marcescens* LB1.

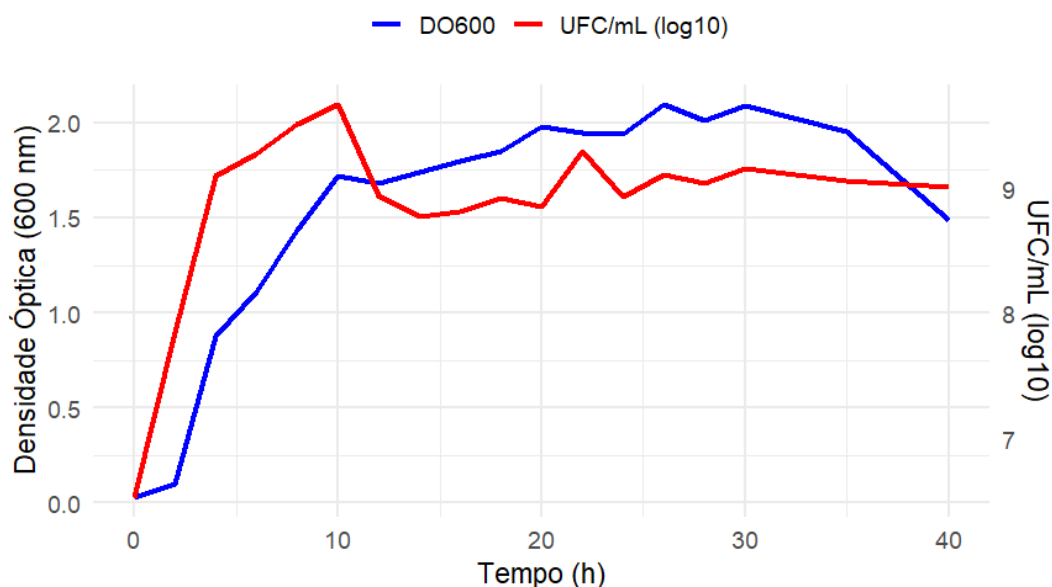
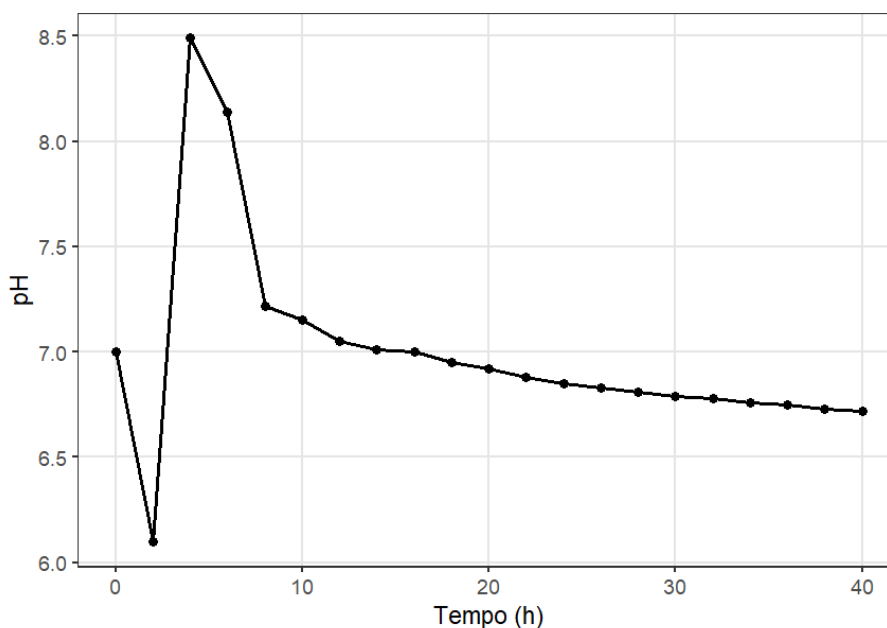


Figura 2 – Variação do pH durante 40 horas de crescimento da bactéria *Serratia marcescens* LB1.

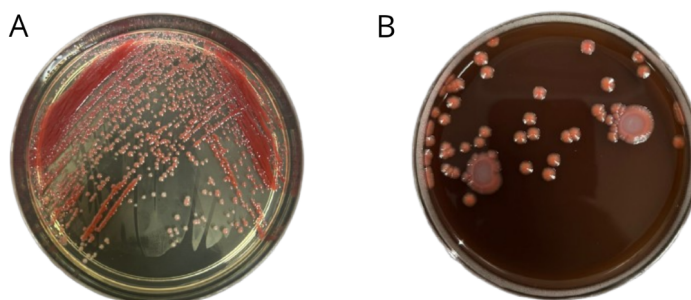


5.2 Teste de hemólise e caracterização fenotípica da colônia

Além dos perfis de crescimento em meio líquido, a caracterização fenotípica em meio LB sólido reforçou a identificação da linhagem como *Serratia marcescens*. Em ágar nutriente, as colônias apresentaram coloração vermelho-alaranjada, com bordas inteiras e superfície lisa e brilhante (Figura 3A). Essa pigmentação é compatível com a produção do pigmento prodigiosina, metabólito secundário típico de diversas linhagens ambientais de *S. marcescens*, cuja formação é favorecida em temperaturas entre 25–30°C e está relacionada tanto à competição microbiana quanto à proteção contra estresse oxidativo (Khanafari; Assadi; Fakhr, 2006; Williams, 1973)

Em ágar sangue, as colônias mantiveram o mesmo padrão cromático (Figura 3B), sem lise e sem halo (gama-hemólise), característica comum em linhagens ambientais e não patogênicas da espécie (Hejazi; Falkiner, 1997). A ausência de hemólise é um ponto relevante para diferenciar perfis potencialmente virulentos de cepas adaptadas a nichos ambientais ou associadas a plantas, onde fatores de agressividade tendem a ser menos expressos.

Figura 3 – (A) *Serratia marcescens* LB1 em meio LB sólido. (B) *Serratia marcescens* LB1 em ágar sangue.



Fonte: A autora (2025).

5.3 Experimento de germinação

Não houve diferença estatística significativa no IVG entre os tratamentos ($W = 24,5$; $p = 0.336$). O grupo com inóculo apresentou média ligeiramente superior (Figura 4), porém a variação intra-grupos impediu significância estatística. Isso indica que, embora o inóculo tenha influenciado o crescimento inicial da plântula, não alterou a velocidade com que as sementes germinaram.

A avaliação do crescimento inicial das plântulas demonstrou que a inoculação com a bactéria apresentou efeitos distintos sobre o comprimento do hipocótilo e da radícula (Figura 5). Para ambas as variáveis, o teste de Levene indicou violação da homogeneidade de variâncias (hipocótilo: $p = 0.0023$; radícula: $p = 0.0041$), motivo pelo qual foram aplicados testes não paramétricos. O comprimento do hipocótilo diferiu significativamente entre os tratamentos (teste de Wilcoxon, $p < 0.05$). O tratamento inoculado apresentou valores médios ligeiramente maiores que a solução salina, embora com variabilidade elevada. Para o comprimento da radícula, não foi observada diferença estatística entre os tratamentos (Wilcoxon, $p > 0.05$). O efeito da inoculação foi mínimo ($r = 0.0823$), reforçando que o inoculante não promoveu alterações expressivas no desenvolvimento radicular inicial.

Esses resultados indicam que a presença do inóculo bacteriano pode ter influência sobre os estágios iniciais do desenvolvimento da plântula. Tal comportamento é consistente com o perfil funcional frequentemente atribuído a bactérias promotoras de crescimento vegetal, que tendem a favorecer principalmente a expansão tecidual, seja pela produção de fitormônios como o ácido indol-3-acético (AIA), seja pela solubilização e disponibilização de nutrientes na rizosfera (Ahmad & Kibret, 2014). Cepas de *Serratia marcescens* já foram descritas

como produtoras de AIA, sideróforos e enzimas ligadas à remodelagem da parede celular vegetal (NASCENTE et al., 2023; BHARDWAJ et al., 2025). Ensaios complementares, como quantificação de AIA, análise da produção de sideróforos, avaliação de colonização radicular, mensuração de biomassa e experimentos em condições controladas de nutrição, seriam fundamentais para esclarecer de forma mais precisa como o inóculo está modulando o desenvolvimento das plântulas.

Figura 4 – Variação do IVG entre os diferentes tratamentos avaliados, indicando possíveis diferenças na velocidade de germinação das sementes.

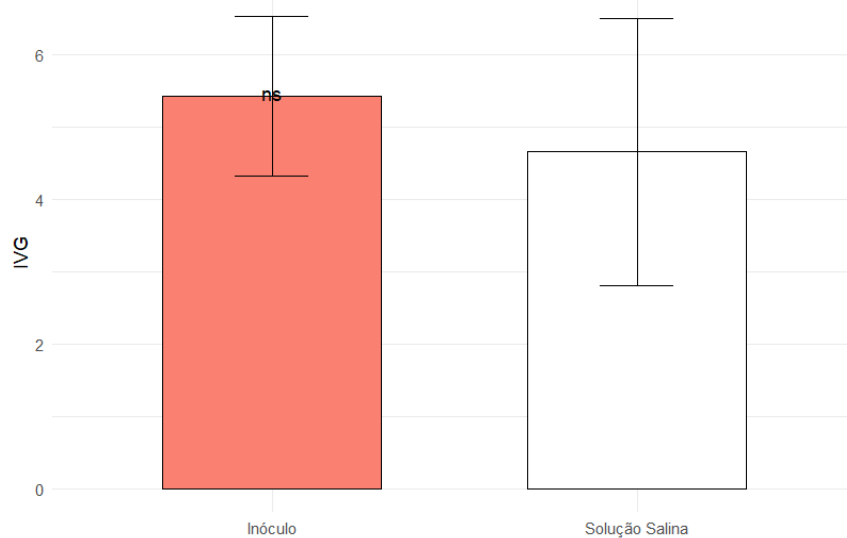
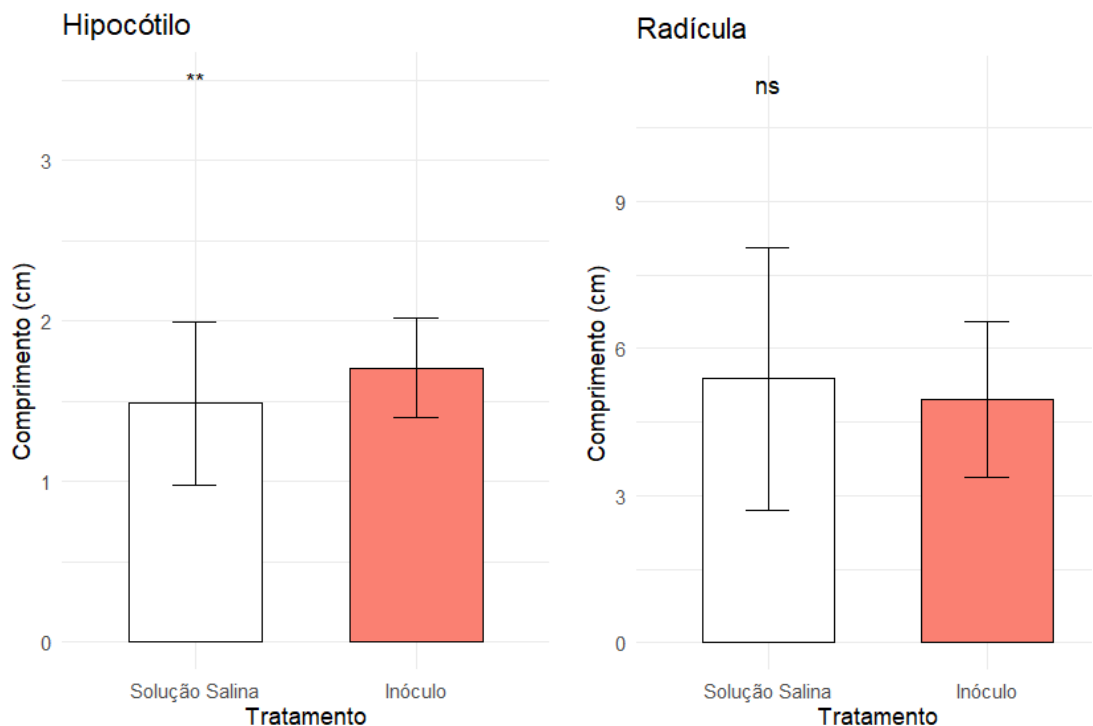


Figura 5 – Variação no crescimento inicial das plântulas, comparando os comprimentos do hipocótilo e da radícula entre os tratamentos.



5.4 Experimento *in planta*

A inoculação com a cepa bacteriana não resultou em diferenças estatisticamente significativas em nenhuma das variáveis analisadas ($p > 0,05$) (Figura 6). A quantidade média de folhas foi idêntica entre os tratamentos (Controle = 20,11 $\pm$; Inóculo bacteriano = 20,11 folhas), indicando que a presença do inoculante não afetou o número de folhas produzidas. Resultados semelhantes foram observados para o comprimento da parte aérea, em que o controle apresentou média de 10,76 cm e T3 10,33 cm, também sem diferença significativa. Esses resultados sugerem que, nas condições do experimento, a bactéria não influenciou o crescimento vegetativo inicial da parte aérea.

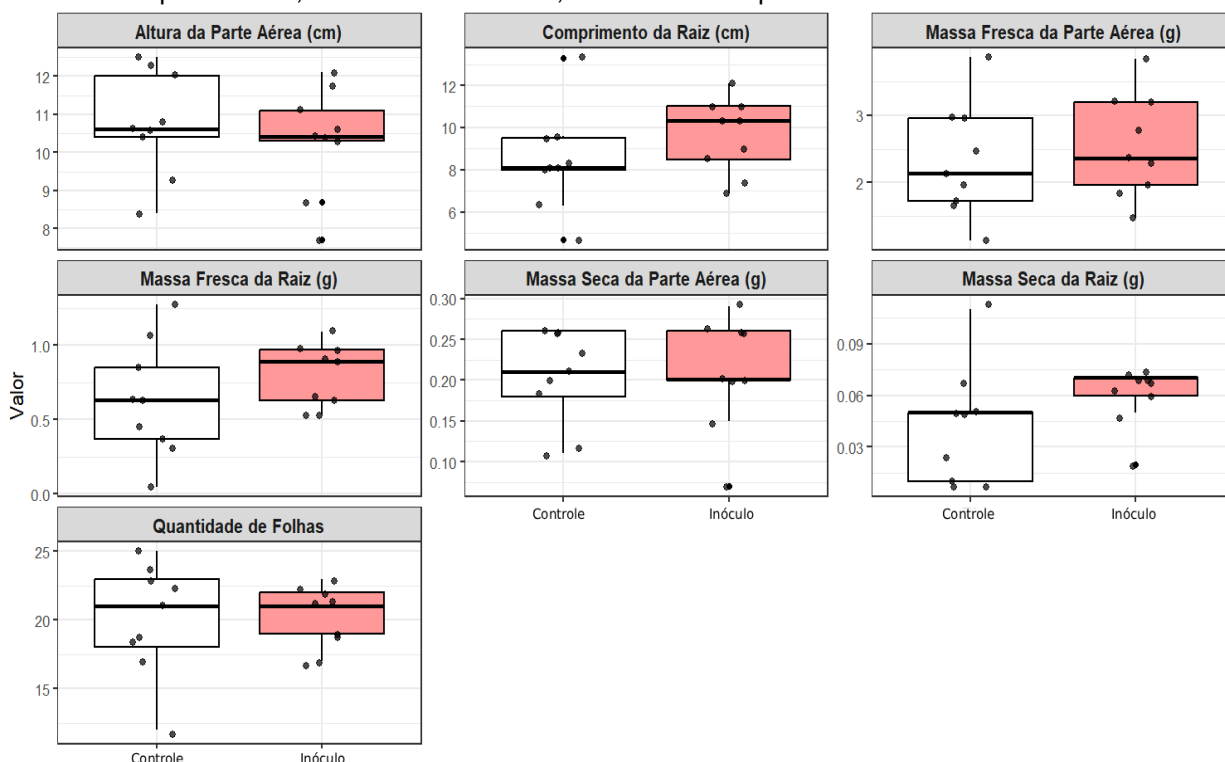
No entanto, observou-se uma tendência de maior desenvolvimento radicular no tratamento inoculado. O comprimento médio das raízes foi de 9,61 cm no tratamento com o inóculo, contra 8,43 cm no controle, embora sem significância estatística. Da mesma forma, a massa fresca radicular foi ligeiramente maior em T3 (0,80 g) em comparação a T1 (0,62 g), bem como a massa seca (0,06 g em T3 e 0,04 g em T1).

Apesar de não significativas, essas tendências indicam que o inoculante pode ter contribuído para um maior investimento da planta no sistema radicular, algo frequentemente relatado para bactérias promotoras de crescimento vegetal. Segundo Ahmad & Kibret (2014), bactérias rizosféricas podem favorecer maior absorção de nutrientes e tolerância a estresses, mesmo quando não resultam em aumentos rápidos na biomassa aérea. Além disso, há relatos que cepas de *Serratia* podem modular o balanço hormonal, estimulando sobretudo crescimento radicular em estágios iniciais (Ouyang; Pei; Xu, 2017). Entretanto, para que esse efeito se traduza em aumento significativo de biomassa aérea, pode ser necessário um maior tempo de estabelecimento da relação simbiótica, ou condições ambientais mais favoráveis à atividade bacteriana no solo. Além disso, diferentes espécies e cultivares vegetais apresentam variabilidade na responsividade à inoculação, podendo não responder imediatamente ou de forma expressiva no curto prazo.

Portanto, os resultados sugerem que a cepa utilizada apresenta potencial de estimulação radicular, porém estudos adicionais são recomendados, incluindo

análise de produção de fitormônios, testes em diferentes substratos, maior tempo de cultivo, condições de estresse e doses distintas de inoculante.

Figura 6 – Distribuição das variáveis morfológicas avaliadas nas plantas submetidas ao inóculo bacteriano. As variáveis incluem número de folhas, altura da parte aérea, comprimento da raiz, massa fresca da parte aérea, massa fresca da raiz, massa seca da parte aérea e massa seca da raiz.



5.5 Ensaios de antagonismo

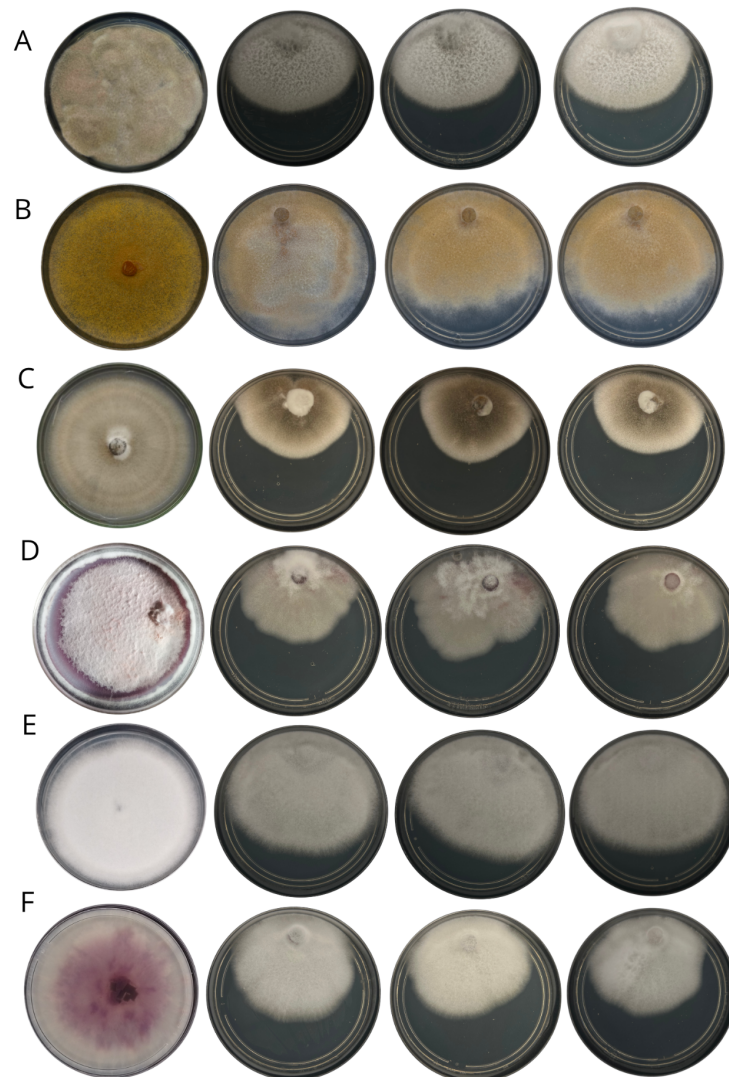
Nos ensaios com o cultivo filtrado (Figura 7), a taxa média de inibição micelial (R %) variou conforme a cepa do fungo usada no teste. Observou-se ~59,26% para *Fusarium oxysporum*, 27,78% para *Colletotrichum musae*, 52,96% para *Alternaria alternata*, 38,89% para *Stagonosporopsis cucurbitacearum*, 52,22% para *Fusarium verticillioides* e 63,70% para *Colletotrichum eriobotryae*. Em paralelo, nos ensaios de cultivo completo (Figura 8), as médias de inibição foram de 58,8 % para *F. oxysporum*, 45,19 % para *C. musae*, 60,00% para *A. alternata*, 44,07% para *S. cucurbitacearum*, 54,44% para *F. verticillioides* e 64,07% para *C. eriobotryae*. No ensaio com compostos voláteis (VOCs) (Figura 9), verificou-se inibição de 0% para *F. oxysporum*, 42,9% para *C. musae*, 74,07% para *A. alternata*, 30,37 % para *S. cucurbitacearum*, 0% para *F. verticillioides* e 52,59% para *C. eriobotryae*. Esses resultados indicam que tanto o filtrado como o cultivo completo da bactéria

exerceram atividade antagonista mais ampla, enquanto os VOCs apresentaram efeito mais seletivo, com destaque para *A. alternata* (Figura 10).

A efetividade maior observada no cultivo completo e no filtrado pode indicar que tanto a presença de células bacterianas quanto os metabólitos liberados (solúveis no meio) contribuem para a inibição micelial, o que se alinha com relatos da literatura de que *Serratia marcescens* é capaz de produzir compostos antifúngicos e enzimas hidrolíticas com ação direta sobre fungos fitopatogênicos (Duzhak et al., 2012; Queiroz; Melo, 2006; Zarei et al., 2011). Além disso, estudos demonstraram que compostos fenólicos produzidos por *S. marcescens* apresentaram inibição micelial superior a 70% frente a espécies de *Fusarium*, confirmando o potencial dessa espécie na supressão de patógenos (Yan et al., 2024).

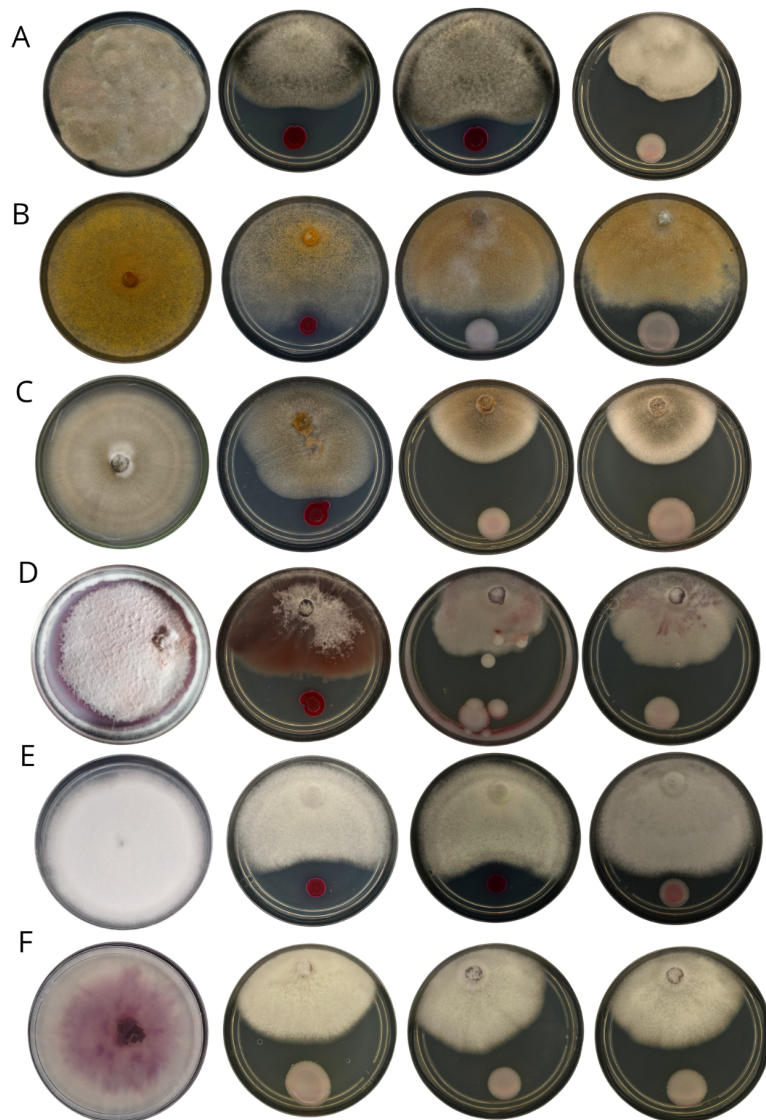
Por outro lado, o baixo ou nulo efeito dos VOCs em determinados fungos, como *Fusarium oxysporum* e *Fusarium verticillioides*, sugere que, nessa configuração experimental, o mecanismo volátil não atingiu concentração eficaz ou que esses fungos apresentam menor sensibilidade a tais compostos. Em contraste, *Alternaria alternata* respondeu com inibição acentuada (~74 %), indicando maior suscetibilidade aos compostos voláteis bacterianos. Estudos mostram que cepas de *S. marcescens* liberam VOCs, como o dimetildissulfeto, capazes de inibir seletivamente o crescimento de determinados fungos fitopatogênicos (Carter-House et al., 2020; Heenan-Daly et al., 2021). Essa especificidade pode, portanto, estar relacionada tanto à variabilidade na composição dos VOCs emitidos quanto à sensibilidade diferencial dos fungos aos metabólitos voláteis (Islam et al., 2024).

Figura 7 – Ensaios de antagonismo com cultivo filtrado: (A) *Alternaria alternata*; (B) *Colletotrichum musae*; (C) *Colletotrichum eriobotryae*; (D) *Fusarium oxysporum*; (E) *Stagonosporopsis cucurbitacearum*; (F) *Fusarium verticillioides*.



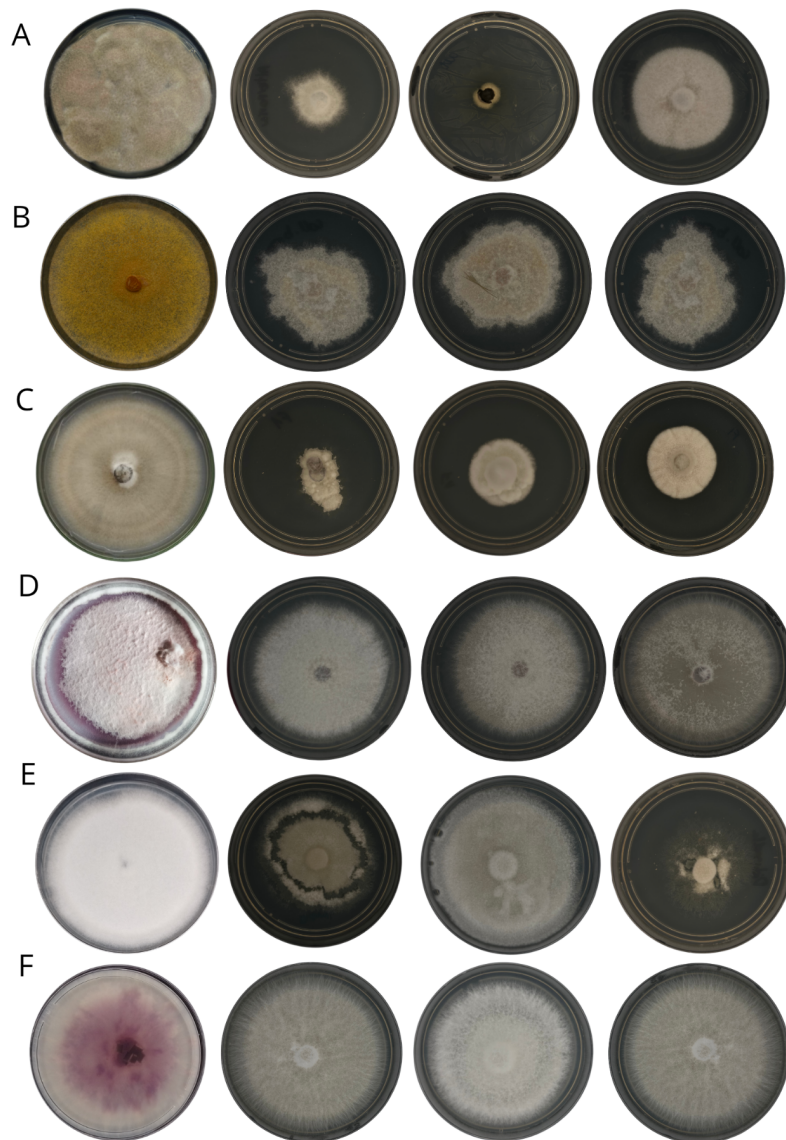
Fonte: A autora (2025).

Figura 8 – Ensaios de antagonismo com cultivo completo: (A) *Alternaria alternata*; (B) *Colletotrichum musae*; (C) *Colletotrichum eriobotryae*; (D) *Fusarium oxysporum*; (E) *Stagonosporopsis cucurbitacearum*; (F) *Fusarium verticillioides*.



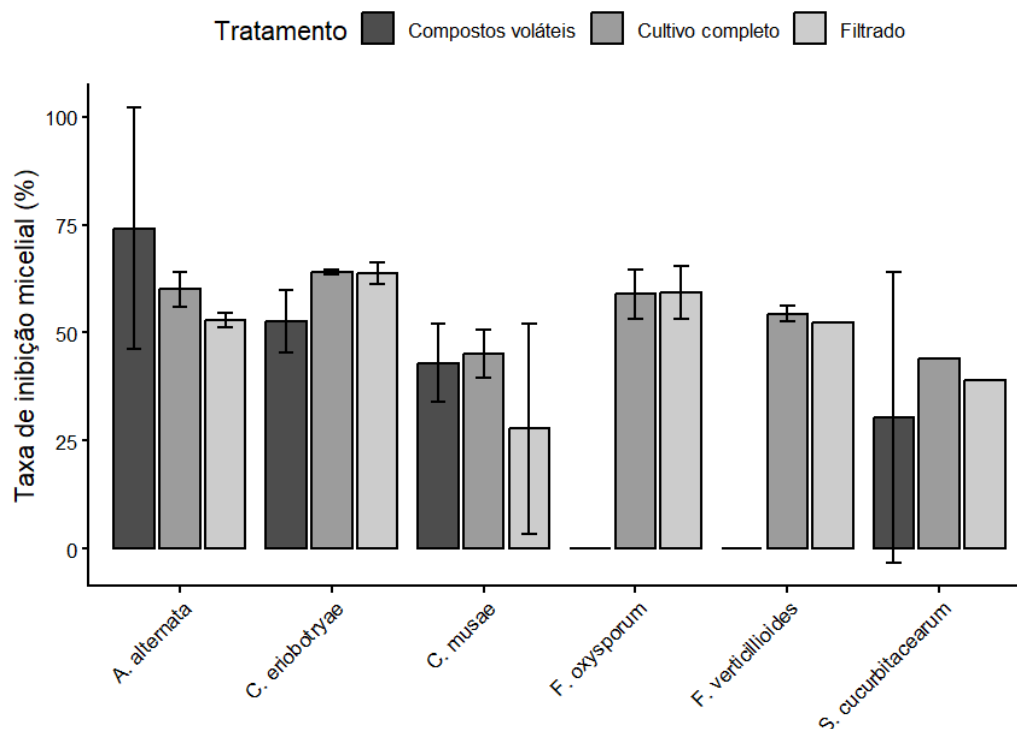
Fonte: A autora (2025).

Figura 9 – Ensaios de antagonismo com compostos voláteis: (A) *Alternaria alternata*; (B) *Colletotrichum musae*; (C) *Colletotrichum eriobotryae*; (D) *Fusarium oxysporum*; (E) *Stagonosporopsis cucurbitacearum*; (F) *Fusarium verticillioides*.



Fonte: A autora (2025).

Figura 10 – Média de Inibição micelial em Cultivo completo, Filtrado e Compostos voláteis dos fungos fitopatogênicos testados (%).



5.6 Montagem

A análise das sequências obtidas resultou em um total de 58.723 leituras, utilizadas para a montagem genômica. A montagem *de novo* resultou em duas sequências contíguas (*contigs*), uma de tamanho 5.018.424 pb, compatível com o tamanho esperado para o cromossomo da bactéria e a outra com 134.658 pb, correspondendo ao plasmídeo. A análise com Inspector (Tabela 1) revelou uma baixa quantidade de erros, com um valor de qualidade (QV) de 54,11, o que corresponde a uma precisão global de $\approx 99,99964\%$. A análise com QUAST também revelou uma boa proporção de leituras mapeadas de volta na montagem (86,46%) e uma profundidade média de cobertura de 123x.

A uniformidade de cobertura avaliada para o cromossomo revelou uma cobertura média de $117,05 \pm 17,17 \times$ (CV = 0,15) com 100% das bases com cobertura $\geq 10x$. Para o plasmídeo a cobertura média foi de $122,63 \pm 13,35$ (CV = 0,11) com 100% das bases com cobertura $\geq 10x$.

Tabela 1 – Resultados de métricas da montagem com Inspector.

Parâmetro	Valor
Número de contigs	2
Número de contigs > 10.000 bp	2
Número de contigs > 1.000.000 bp	1
Tamanho total (bp)	5.153.082
Tamanho total contigs > 10.000 bp	5.153.082
Tamanho total contigs > 1.000.000 bp	5.018.424
Maior contig (bp)	5.018.424
Segundo maior contig (bp)	134.658
N50 (bp)	5.018.424
N50 contigs > 1 Mbp	5.018.424
Taxa de mapeamento (%)	84,7
Taxa de leituras divididas (%)	0,78
Erros estruturais	0
Expansões	0
Colapsos	0
Trocas de haplótipo	0
Inversões	0
Erros pequena escala por Mbp	3,88
Total erros pequena escala	20
Substituições de base	3
Expansões pequenas	17
Colapsos pequenos	0
QV	54,11

Fonte: A autora (2025).

5.7 Predição gênica

A predição gênica da cepa *Serratia marcescens* LB1 realizada com utilizando a versão *stand-alone* do NCBI Prokaryotic Genome Annotation Pipeline (PGAP) permitiu identificar de forma sistemática os genes codificadores de proteínas, RNAs estruturais e elementos funcionais distribuídos ao longo do genoma montado, fornecendo uma base robusta para a caracterização funcional da linhagem. A anotação genômica revelou 7 agrupamentos ribossomais completos, contendo genes 16S, 23S e 5S rRNA, além de 91 genes de tRNA. Foram identificados 4.789 genes codificadores de proteínas, abrangendo funções relacionadas a metabolismo primário, regulação celular, síntese de metabólitos secundários e interação com o ambiente.

A qualidade estrutural da montagem foi avaliada pelo programa CheckM, executado dentro do fluxo de análise associado ao PGAP. Na avaliação da montagem, foram analisadas as 2 sequências, do cromossomo e do plasmídeo, considerando 1.727 marcadores taxonômicos, resultando em 97,24% de completude, aproximadamente 3,96% de contaminação e ausência de heterogeneidade (0%). Segundo os critérios de qualidade estabelecidos por Bowers et al. (2017), esses valores classificam o genoma como "de alta qualidade", segundo critérios do *Genomic Standards Consortium* (GSC) (The Genome Standards Consortium et al., 2017), adequado para análises taxonômicas, comparativas e funcionais.

Embora a contaminação observada seja baixa e dentro do esperado para sequenciamentos obtidos por tecnologias de leitura longa, os resultados sugerem que um refinamento adicional poderia reduzir ainda mais esse percentual. Contudo, dada a alta completude e a ausência de fragmentação significativa, a montagem atende plenamente aos requisitos para inferência funcional e identificação de vias metabólicas relevantes.

A elevada completude do genoma garante que a maioria absoluta dos genes essenciais e conservados do gênero *Serratia* está presente, o que confere maior segurança às análises de potencial funcional.

A análise com BUSCO a partir das proteínas preditas com PGAP revelou também uma alta completude. Considerando a análise dos genes essenciais de bactérias, nenhum gene deixou de ser encontrado ou está fragmentado, foram 116 genes essenciais detectados (100%), sendo 115 completos e de cópia única (99,1%) e apenas 1 gene completo e duplicado (0,9%). Agora considerando a análise dos genes essenciais de bactérias da ordem Enterobacterales, apenas 1 gene faltante, 541 (99,8%) foram detectados como completos e de cópia única, nenhum gene fragmentado.

5.8 Identificação taxonômica

A identificação taxonômica foi confirmada por meio do Type Strain Genome Server (TYGS). A análise de revelou 94,3% (GGDC fórmula d4) de similaridade com *Serratia marcescens subsp. sakuensis* KCTC 42172, com intervalo de confiança entre 92,6% e 95,6% (Tabela 3), valor acima do limiar de 70% para definição de espécie, consolidando sua classificação dentro do grupo *S. marcescens*. Adicionalmente, a análise de *Average Nucleotide Identity* (ANI) realizada pelo NCBI PGAP indicou 99,35% de identidade média de nucleotídeos com *S. marcescens*, reforçando a atribuição taxonômica da cepa como membro deste táxon (Tabela 2).

O resultado da filogenômica posiciona este genoma em um clado com valor de suporte acima de 90, juntamente com a cepa KCTC 42172, isolada de lodo ativado de tanque de tratamento de águas residuais (AJITHKUMAR et al., 2003), e a cepa BS 303 ATCC13880, isolada de água de lagoa (DALIGAULT et al., 2014). Por fim, esse clado de *S. marcescens* está muito próximo de *S. nematodiphila*, uma bactéria simbiótica de nematoide entomopatogênico, isolada de intestino do nematóide *Heterorhabditoides chongmingensis* (Kwak; Khan; Shin, 2015), esse grupo de bactérias está junto em um clado com valor de suporte de 91 (Figura 11).

No conjunto, os resultados confirmam que a cepa analisada corresponde a uma variante genética de *Serratia marcescens*, com genoma completo, estável e bem suportado por métricas de qualidade, oferecendo base consistente para análises posteriores de genes associados a promoção de crescimento vegetal e possíveis fatores de biocontrole.

Figura 11 – Filograma representando a distância genômica baseada na metodologia do *Genome BLAST Distance Phylogeny* (GBDP) do TYGS. As colunas de blocos coloridos ao lado da árvore representam os agrupamentos taxonômicos gerados automaticamente pelo TYGS, incluindo identificação de clusters genômicos, agrupamento por espécie com base nos valores de dDDH/ANI e indicação das cepas-tipo utilizadas como referência. Blocos com a mesma cor indicam genomas pertencentes ao mesmo grupo taxonômico.

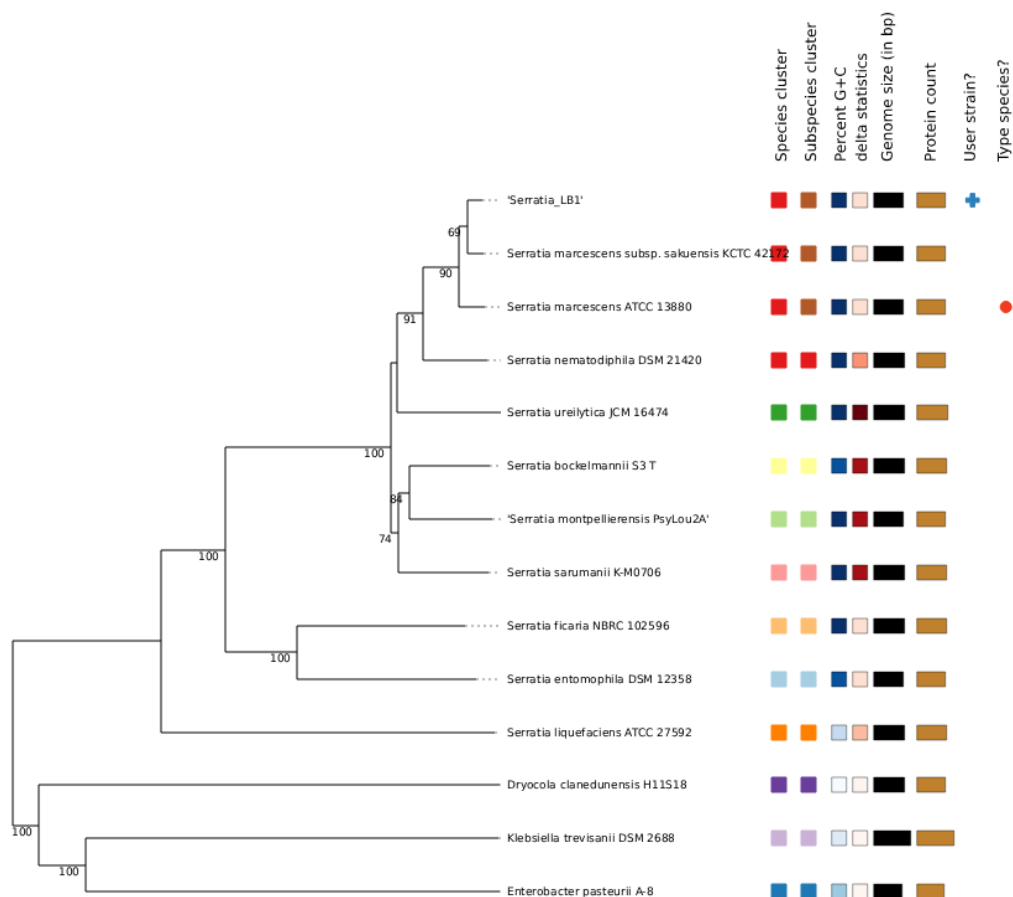


Tabela 2 – A tabela contém os valores pareados de dDDH entre o genoma montado e os genomas de cepas-tipo selecionados. Os valores de dDDH são fornecidos juntamente com seus intervalos de confiança (I.C.) para as três diferentes fórmulas do GBDP: fórmula d0 (fórmula 1 do GGDC): comprimento de todos os HSPs dividido pelo comprimento total do genoma; fórmula d4 (fórmula 2 do GGDC): soma de todas as identidades encontradas nos HSPs dividida pelo comprimento total dos HSPs; fórmula d6 (fórmula 3 do GGDC): soma de todas as identidades encontradas nos HSPs dividida pelo comprimento total do genoma. Dif. G+C = Diferença no conteúdo de G+C.

Cepa-Tipo	d0	I.C. d0	d4	I.C. d4	d6	I.C. d6	Dif. G+C
<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>sakuensis</i> KCTC 42172	92,3	[89,4 - 94,5]	94,3	[92,6 - 95,6]	94,8	[92,8 - 96,3]	0,22
<i>Serratia marcescens</i> ATCC 13880	89,5	[86,1 - 92,0]	90,1	[87,8 - 92,0]	92,1	[89,7 - 94,1]	0,41

<i>Serratia nematodiphila</i> DSM 21420	84,8	[81,0 - 87,9]	74,1	[71,1 - 76,9]	85, 8	[82,7 - 88,5]	0,11
<i>Serratia bockelmannii</i> S3 T	79,3	[75,4 - 82,8]	66,1	[63,2 - 69,0]	79, 6	[76,2 - 82,6]	0,38
<i>Serratia sarumanii</i> K- M0706	80,8	[76,9 - 84,2]	63,9	[60,9 - 66,7]	80, 3	[76,9 - 83,3]	0,44
<i>Serratia ureilytica</i> JCM 16474	78	[74,0 - 81,5]	62,8	[59,9 - 65,6]	77, 7	[74,2 - 80,8]	0,03
<i>Serratia montpellierensi</i> s PsyLou2A	79,4	[75,4 - 82,8]	62	[59,1 - 64,8]	78, 6	[75,2 - 81,7]	0,15
<i>Serratia ficaria</i> NBRC 102596	59,7	[56,1 - 63,3]	34,8	[32,4 - 37,3]	53, 5	[50,3 - 56,5]	0,49
<i>Serratia entomophila</i> DSM 12358	62,5	[58,8 - 66,1]	33,8	[31,4 - 36,3]	55	[51,9 - 58,1]	0,51
<i>Serratia liquefaciens</i> ATCC 27592	50,5	[47,1 - 54,0]	27,4	[25,1 - 29,9]	43, 4	[40,4 - 46,4]	4,10
<i>Dryocola clanedunensis</i> H11S18	16,1	[13,1 - 19,6]	20,7	[18,5 - 23,1]	16, 1	[13,5 - 19,0]	5,58
<i>Klebsiella trevisanii</i> DSM 2688	15,9	[13,0 - 19,4]	20,6	[18,4 - 23,0]	15, 9	[13,4 - 18,8]	4,28
<i>Enterobacter pasteurii</i> A-8	17,5	[14,4 - 21,0]	20,5	[18,3 - 22,9]	17, 2	[14,6 - 20,2]	3,02

Fonte: A autora (2025).

Tabela 3 – Resultados da análise de ANI. Melhor correspondência: *Serratia marcescens* (NCBI taxid = 615, rank = species, lineage = Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Yersiniaceae; Serratia. Nesta tabela, as colunas: ANI: valor de ANI entre a montagem consultada (consulta) e a montagem-tipo (alvo) listada na linha; Coberturas: cobertura da consulta (query-coverage) e cobertura do alvo (subject-coverage); NovaSeq: quantidade de bases melhor atribuídas a esta montagem-tipo. CntmSeq: parte de NovaSeq usada para avaliar a contaminação; Organismo: organismo referente a essa montagem-tipo (assembly_accession, assembly_name): accession e nome da montagem-tipo.

ANI (%)	Coberturas (%)	NovaSeq (pb)	CntmSeq (pb)	Organismo (assembly_accession, assembly_name)
99,349	(82,2;85,8)	80.699	80.699	<i>Serratia marcescens</i> n (GCA_004684145.1, ASM468414v1)
98,959	(69,5;71,0)	0	0	<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>marcescens</i> ATCC 13880 (GCA_003957875.1, ASM395787v1)
98,791	(91,1;91,2)	4.676.190	4.676.190	<i>Serratia marcescens</i> (GCA_900457055.1, 32117_E02)
98,805	(91,1;91,0)	3.345	3.345	<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>marcescens</i> ATCC 13880 (GCA_006974205.1, ASM697420v1)
98,849	(90,4;91,5)	2.167	2.167	<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>marcescens</i> ATCC 13880 (GCA_000735445.1, GSMA_DRAFTv1)
98,852	(91,1;91,0)	214	214	<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>marcescens</i> ATCC 13880 (GCA_017301275.1, ASM1730127v1)
98,849	(90,4;91,6)	116	116	<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>marcescens</i> ATCC 13880 (GCA_002899365.1, ASM289936v1)
98,856	(91,1;91,3)	0	0	<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>marcescens</i> ATCC 13880 (GCA_017654245.1, ASM1765424v1)
98,852	(91,1;91,0)	0	0	<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>marcescens</i> ATCC 13880 (GCA_034424255.1, ASM3442425v1)
97,016	(89,2;88,0)	8.544	8.544	<i>Serratia nematodiphila</i> DZ0503SBS1 (GCA_000738675.1, ASM73867v1)
97,004	(88,6;88,2)	159	159	<i>Serratia nematodiphila</i> (GCA_900101535.1, IMG-taxon 2596583578 annotated assembly)
95,869	(86,9;84,7)	23.598	23.598	<i>Serratia bockelmannii</i> (GCA_008011855.1, ASM801185v1)
95,524	(87,1;86,5)	51.716	51.716	<i>Serratia sarumanii</i> (GCA_029962605.1, ASM2996260v1)
95,392	(86,5;83,	29.788	29.788	<i>Serratia ureilytica</i>

	8)			(GCA_013375155.1, ASM1337515v1)
95,354	(86,5;81,6)	29.258	29.258	<i>Serratia nevei</i> (GCA_037948395.1, ASM3794839v1)
95,334	(85,9;81,6)	2.647	2.647	<i>Serratia nevei</i> (GCA_008364245.1, ASM836424v1)
95,387	(86,5;83,8)	387	387	<i>Serratia ureilytica</i> (GCA_039523675.1, ASM3952367v1)
95,253	(85,7;85,7)	3.912	3.912	<i>Serratia montpellierensis</i> (GCA_020858655.1, ASM2085865v1)
94,361	(86,3;86,9)	10.409	10.409	<i>Serratia surfactantfaciens</i> (GCA_001642805.2, ASM164280v2)
88,403	(75,3;74,5)	2.071	2.071	<i>Serratia ficaria</i> (GCA_900187015.1, 50465_F01)
88,349	(75,0;73,4)	1.133	1.133	<i>Serratia ficaria</i> NBRC 102596 (GCA_001590885.1, ASM159088v1)
87,971	(75,4;75,5)	1.602	1.075	<i>Serratia entomophila</i> (GCA_021462285.1, ASM2146228v1)
85,341	(66,0;63,6)	470	470	<i>Serratia plymuthica</i> (GCA_016027675.1, ASM1602767v1)
85,323	(65,8;63,4)	0	0	<i>Serratia plymuthica</i> (GCA_900478125.1, 28193_B02)
85,276	(65,1;63,4)	0	0	<i>Serratia plymuthica</i> NBRC 102599 (GCA_001590925.1, ASM159092v1)
85,245	(65,0;62,2)	0	0	<i>Serratia inhibens</i> (GCA_003591175.1, ASM359117v1)
84,713	(66,3;64,7)	0	0	<i>Serratia liquefaciens</i> ATCC 27592 (GCA_000422085.1, ASM42208v1)
84,58	(65,3;57,3)	602	602	<i>Serratia quinivorans</i> (GCA_900457075.1, 36672_B01)
84,339	(65,6;66,7)	2.982	2.982	<i>Serratia proteamaculans</i> (GCA_008830365.1, ASM883036v1)
84,431	(52,0;54,4)	0	0	<i>Serratia rubidaea</i> (GCA_001304675.1, ASM130467v1)
84,347	(53,3;55,4)	0	0	<i>Serratia rubidaea</i> NBRC 103169 (GCA_001598675.1, ASM159867v1)
84,433	(53,7;55,4)	0	0	<i>Serratia rubidaea</i> (GCA_901472405.1, 28771_E01)
84,468	(54,0;55,7)	0	0	<i>Serratia rubidaea</i> (GCA_016026735.1, ASM1602673v1)
84,179	(52,0;52,6)	0	0	<i>Serratia rhizosphaerae</i> (GCA_009817885.1, ASM981788v1)
83,712	(51,1;49,	179	179	<i>Serratia odorifera</i>

	9)			(GCA_900635445.1, 28869_A02)
83,585	(50,2;50,5)	357	357	<i>Serratia odorifera</i> DSM 4582 (GCA_000163595.1, ASM16359v1)
83,535	(37,1;34,5)	0	0	<i>Gibbsiella quercinecans</i> (GCA_002291425.1, ASM229142v1)
83,378	(36,7;35,9)	0	0	<i>Gibbsiella dentisursi</i> (GCA_039539505.1, ASM3953950v1)
83,145	(60,5;61,0)	291	291	<i>Serratia grimesii</i> (GCA_900456935.1, 38109_A02)
83,015	(59,6;60,6)	0	0	<i>Serratia grimesii</i> NBRC 13537 (GCA_001590905.1, ASM159090v1)

Fonte: A autora (2025).

5.9 Anotação gênica funcional

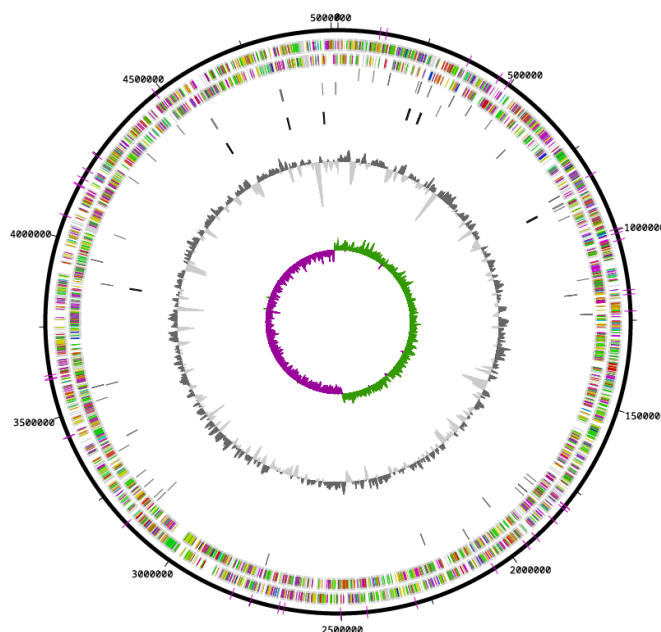
A arquitetura genômica da cepa foi visualizada por meio de um mapa circular obtido no DNAPlotter (Figura 12), permitindo a inspeção da distribuição espacial dos genes funcionais ao longo do cromossomo. No anel externo, observam-se os genes codificadores de proteínas organizados nos sentidos direto e reverso, com coloração diferenciada de acordo com sua classificação funcional.

Nos anéis internos, são apresentados o conteúdo GC e o desvio GC-skew, que evidenciam a polaridade replicativa do cromossomo, distinguindo regiões associadas ao início e término de replicação. O perfil observado é consistente com o padrão esperado para *Serratia marcescens*, reforçando a integridade estrutural da montagem e ausência de rearranjos cromossômicos extensos.

Essas características genômicas corroboram o perfil funcional previamente descrito para linhagens ambientais e promotoras de crescimento de *S. marcescens*, como relatado em trabalhos anteriores (Abreo; Altier, 2019; Akhtar; Younas; Xia, 2025). De forma conjunta, o mapa genômico fortalece a conclusão de que a cepa analisada possui um potencial robusto para aplicação em biocontrole e biofertilização, sustentado por um repertório genético coerente com essas funções.

Figura 12 – Mapa genômico circular de *Serratia marcescens* LB1. Da região central para a periferia são apresentados: (i) o perfil de GC skew, (ii) o conteúdo GC, (iii) a distribuição dos genes de rRNA (16S, 23S e 5S) e tRNA, e (iv) os genes codificadores (CDS) dispostos nas fitas positiva e negativa.

Os CDS encontram-se categorizados segundo suas funções previstas: biofertilização (amarelo), biorremediação (vermelho), colonização vegetal (verde-claro), exclusão competitiva (azul), síntese de fitohormônios (laranja), resposta imune da planta (roxo), funções putativas (cinza) e biocontrole (magenta).



5.10 Anotação de genes relacionados à AMR e virulência

A caracterização genômica dos determinantes de resistência e virulência da cepa *Serratia marcescens* LB1 considerando as diferentes bases de dados (CARD, MEGARes, ResFinder, VFDB, *ecoli_vf*, PlasmidFinder, e VICTORS) evidencia um repertório essencialmente cromossômico, estável e típico de linhagens ambientais, sem indicativos de resistência adquirida ou de fatores clássicos de patogenicidade (Tabela 4).

A busca por fatores de virulência no VFDB revelou apenas genes estruturais associados ao sistema flagelar, como *fliG*, *fliM* e *fliP*, todos com cobertura próxima de 100% e identidade entre 80–83%. Esses genes estão envolvidos na motilidade e na formação de biofilmes, funções essenciais à adaptação ambiental (Colin et al., 2021). Embora flagelos possam atuar como fatores de virulência ao mediar adesão e ativação imunológica, sua presença é amplamente descrita em cepas ambientais não patogênicas e, portanto, não caracteriza um perfil virulento (Tuttobene et al., 2025). Os bancos *ecoli_vf* e VICTORS apresentaram o mesmo padrão, identificando

apenas proteínas essenciais, reguladores globais e componentes estruturais, classificados como “fatores de virulência” por atuarem indiretamente em processos patogênicos em outros modelos, mas sem representar determinantes agressivos.

No conjunto de genes relacionados à resistência antimicrobiana, foram identificados elementos característicos do repertório intrínseco de *S. marcescens*, como as bombas de efluxo *oqx**B*, *sde**B*, *sde**X*, *sde**Y* e *mex**I*, além dos genes *tet*(41), *aac*(6')-*Ic* e da β -lactamase cromossômica *bla**SST-1/SRT-2*. Bombas RND como *OqxAB*, *SdeAB* e *MexI* são amplamente distribuídas entre bactérias ambientais e funcionam na extrusão de compostos tóxicos, solventes e antimicrobianos (Moreira; Souza; Moraes, 2004), enquanto *tet*(41) e *aac*(6')-*Ic* são determinantes estáveis associados à adaptação ambiental, sem evidência de mobilidade horizontal (Thompson et al., 2007). A β -lactamase *bla**SST-1* constitui um mecanismo cromossômico típico da espécie, com atividade limitada e clinicamente pouco relevante (Claussen; Schmidt, 2023). Importante destacar que nenhum gene associado à resistência adquirida de importância clínica, como *mcr*, *kpc*, *ndm*, *oxa-48* ou *mecA*, foi detectado em qualquer dos bancos analisados (Sandner-Miranda et al., 2018)

A análise com PlasmidFinder identificou um plasmídeo relacionado ao pSM22 (Iasakov et al., 2019), anteriormente descrito em isolados ambientais e hospitalares de *Serratia*. No entanto, nenhum gene de AMR ou virulência foi associado a esse replicon, sugerindo tratar-se de um plasmídeo pequeno, pouco móvel e possivelmente relacionado a funções metabólicas acessórias, sem risco epidemiológico.

A detecção de genes como *fli**Y*, *fli**G*, *nl**pl* e *cadA* reforça o perfil ambiental da linhagem (Colin et al., 2021). *Nlpl* está associado à manutenção do envelope e resposta ao estresse, enquanto *cadA* integra o sistema lisina descarboxilase, envolvido na resistência à acidificação (Guest; Raivio, 2016).

A análise complementar das proteínas preditas pelo PGAP contra o banco VICTORS confirmou a ausência de determinantes agressivos, identificando apenas proteínas essenciais, reguladores globais e proteínas de estresse com $\geq 80\%$ de cobertura e $\geq 90\%$ de identidade. Importante ressaltar que nenhum dos principais fatores de virulência associados a *S. marcescens* patogênica, como hemolisina

ShlA, serralisinas, fosfolipases, toxinas Tc ou efetores de T3SS/T6SS foi detectado (Mahlen, 2011).

Em conjunto, o perfil genético da cepa LB1 é consistente com o de isolados ambientais de *S. marcescens* adaptados à rizosfera (Hamada; Soliman, 2023), caracterizados por motilidade, competição microbiana e potencial para síntese de metabólitos secundários antagonistas, mas sem determinantes de alta virulência humana ou elementos de resistência adquirida. Embora apresente um repertório intrínseco multiclasse de AMR, todos os genes são cromossômicos e não associados à mobilização, indicando baixo risco de disseminação horizontal (Sandner-Miranda et al., 2018).

Tabela 4 – Anotação dos genes de resistência antimicrobiana (AMR) identificados na cepa *Serratia marcescens* LB1. São apresentados os bancos que detectaram cada gene, as porcentagens de cobertura e identidade, suas funções biológicas e a classificação quanto à origem genômica.

Banco	Gene	Cobertura (%)	Identidade (%)	Relação/Função	Tipo
ResFinder	oqxB	98.92	82.00	Bomba de efluxo OqxAB (quinolonas, fenicóis)	Cromossômico
ResFinder	blaSST-1	100	99.12	β -lactamase cromossômica	Cromossômico
ResFinder	tet(41)	98.31	92.77	Transporte MFS – tetraciclinas	Cromossômico
ResFinder	aac(6')-I _c	100	93.20	Modificação de aminoglicosídeos	Cromossômico
AMRFinder	oqxB5	98.92	82.29	Efluxo – quinolonas	Cromossômico
AMRFinder	blaSST-1	100	99.12	β -lactamase	Cromossômico
AMRFinder	tet(41)	98.31	92.77	Transporte MFS – tetraciclinas	Cromossômico
AMRFinder	aac(6')-I _{al}	100	99.09	Aminoglicosídeos	Cromossômico
MEGARes	sdeB	100	98.16	Bomba RND	Cromossômico
MEGARes	sdeY	99.78	96.43	Bomba RND	Cromossômico

MEGARes	sdeX	99.92	95.37	Bomba RND	Cromossômico
MEGARes	mexI	97.93	81.19	Bomba RND	Cromossômico
PlasmidFinder	pSM22_1	100	90.05	Replicon plasmidial	Plasmidial
ecoli_vf	Nlpl	99.89	81.60	Envelope / estresse	Cromossômico
ecoli_vf	fliY	84.89	80.78	Motilidade / transporte	Cromossômico
ecoli_vf	fliG	99.20	81.48	Motor flagelar	Cromossômico
ecoli_vf	cadA	98.48	81.44	Resistência à acidificação	Cromossômico
CARD	mexI	97.93	81.19	Bomba RND	Cromossômico
CARD	oqxB	98.92	82.00	Bomba RND	Cromossômico
CARD	SRT-2	100	96.48	β -lactamase	Cromossômico
CARD	tet(41)	98.31	92.77	Tetraciclinas	Cromossômico
CARD	H-NS	97.10	81.09	Regulador global	Cromossômico
CARD	AAC(6')-Ic	100	93.20	Aminoglicosídeos	Cromossômico
CARD	CRP	100	~82	Regulador global	Cromossômico
VICTORS	H-NS	>95	>80	Regulador global	Cromossômico
VICTORS	Nlpl	>95	>80	Envelope / estresse	Cromossômico
VICTORS	CadA	>95	>80	Tolerância ácida	Cromossômico
VICTORS	FliG/FliM /FliP	>97	>80	Mobilidade/Adesão	Cromossômico
VICTORS	T3SS/T6S, shlA	$\geq 80\%$	$\geq 90\%$	Toxinas, hemolisinas, fosfolipases, serralisinas ou efetores de T3SS/T6SS	Ausente

Fonte: A autora (2025).

5.11 Anotação de genes relacionados a promoção de crescimento de plantas e biocontrole

A anotação funcional realizada pelo PGPT (*Plant Growth-Promoting Traits Analyzer*) revelou um conjunto extenso de genes associados a mecanismos clássicos de promoção de crescimento vegetal e biocontrole, confirmando que *Serratia marcescens* LB1 possui um repertório metabólico compatível com microrganismos rizosféricos benéficos. A lista completa de genes identificados encontra-se disponível no Apêndice.

A análise das anotações evidenciou que os genes associados à promoção de crescimento vegetal distribuem-se em sete categorias funcionais principais. Essa organização está apresentada na Figura 13, o qual sintetiza a proporção de genes envolvidos em biofertilização, aquisição de nutrientes, regulação hormonal, tolerância a estresses, colonização radicular, metabolismo de compostos derivados da planta e mecanismos de biocontrole. Essa visualização permite compreender a predominância de vias metabólicas relacionadas tanto a efeitos diretos quanto indiretos de promoção de crescimento.

Os efeitos diretos associados ao estímulo do crescimento vegetal foram predominantes entre as categorias identificadas. Observou-se a presença de genes relacionados ao metabolismo de vitaminas essenciais à regulação fisiológica das plantas, como riboflavina (B2) e pantotenato (B5), presentes nos genes *pgaptmp_002561*, *pgaptmp_002159* e *pgaptmp_004299*, compostos amplamente associados à indução de resistência sistêmica e ao aumento da tolerância a estresses bióticos e abióticos (Dong; Beer, 2000).

Outro conjunto relevante está associado à biofertilização, com diversos genes relacionados à produção de ácidos orgânicos envolvidos na solubilização de fosfatos e mobilização de potássio, incluindo genes ligados ao metabolismo de ácidos como gluconato, fosfonato e tartárico (ex.: *pgaptmp_002080* e *pgaptmp_000446*). A solubilização de fosfatos mediada por ácidos orgânicos é um dos mecanismos mais importantes entre PGPR (BHARDWAJ et al., 2022), reforçando a capacidade da linhagem em aumentar a disponibilidade de nutrientes na rizosfera. Em paralelo, observou-se um repertório robusto de genes siderofóricos, incluindo rotas para enterobactina, alcaligin e sistemas TonB–ExbBD (por exemplo, *pgaptmp_002400*, *pgaptmp_003707* e *pgaptmp_004098*). A produção de sideróforos não só favorece a

aquisição de ferro pela bactéria, mas também pode restringir o ferro disponível para fungos patogênicos, atuando como importante mecanismo indireto de biocontrole (SAHA et al., 2016).

Entre os mecanismos indiretos observados, a presença de genes relacionados à síntese de compostos antimicrobianos e antifúngicos se destaca amplamente, dentre eles, múltiplos genes associados ao metabolismo de prodigiosina, pigmento característico de *Serratia* com reconhecida atividade antifúngica e antibacteriana (Gutiérrez-Román et al., 2012), como observado nos genes *pgaptmp_001017* e *pgaptmp_001013*. Além disso, foram identificadas rotas metabólicas relacionadas à produção de toxo flavina e compostos ansamitocínicos (ex.: *pgaptmp_002561* e *pgaptmp_002341*), moléculas com atividade conhecida contra fungos e outros microrganismos. Genes codificando enzimas líticas, como quitinases (ex.: *pgaptmp_000107*), reforçam esse potencial, pois quitinases são fundamentais para a degradação da parede celular de muitos fungos fitopatogênicos (CHIQUITO-CONTRERAS et al., 2024).

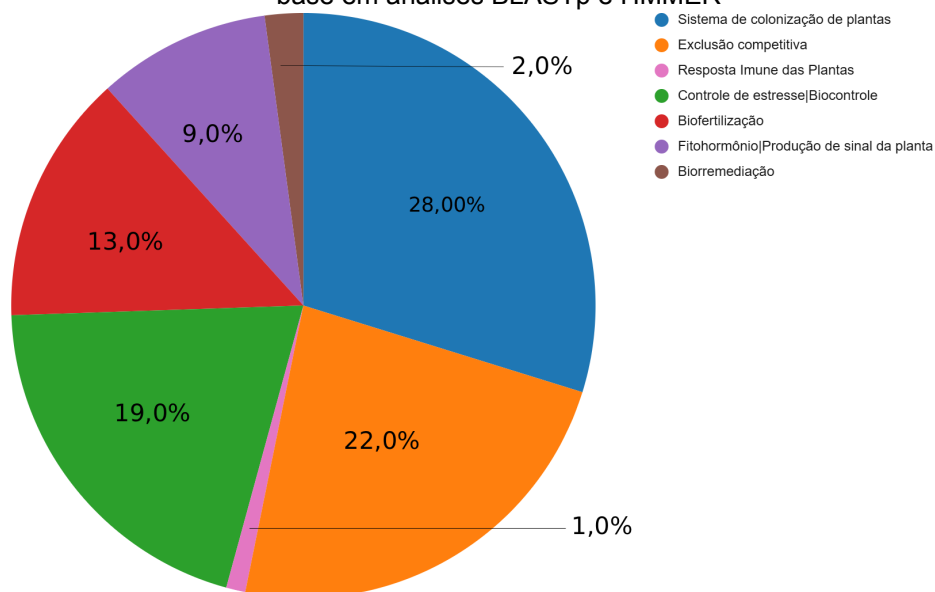
Os dados também revelam um conjunto extenso de genes associados à resposta a estresses abióticos, incluindo oxidativo, osmótico, ácido e salino. Foram identificados múltiplos genes antioxidantes, como oxidoredutases e vias de vitaminas antioxidantes, além de diversos genes de proteínas de estresse universal, por exemplo *pgaptmp_002158*, *pgaptmp_000508* e *pgaptmp_004553*. Esses elementos são cruciais para garantir sobrevivência bacteriana em ambientes rizosféricos variáveis e para ajudar a planta a tolerar condições adversas, como salinidade e seca (Glick, 2012). Outros genes ligados à homeostase osmótica e manutenção da membrana, como transportadores de cátions, antiportes de prótons e vias de cardiolipina (ex.: *pgaptmp_000999* e *pgaptmp_002367*), reforçam a robustez fisiológica da cepa em condições ambientais desafiadoras.

A presença de genes relacionados à colonização da rizosfera foi igualmente expressiva, incluindo genes de adesão, motilidade, formação de biofilme e uso de substratos vegetais, como os associados à degradação de carboidratos (fucose, xilose, arabinose, ribose) nos genes *pgaptmp_003149*, *pgaptmp_004769* e *pgaptmp_002429*. Tais rotas são fundamentais para a bactéria ocupar nichos radiculares, estabelecer interações estáveis e competir com outros microrganismos (LIU et al., 2024). Genes envolvidos em síntese de exopolissacarídeos (EPS),

quorum sensing e sistemas de toxina-antitoxina, como *pgaptmp_001508*, *pgaptmp_004074* e *pgaptmp_004875*, apontam para uma alta capacidade competitiva e de formação de comunidades microbianas estruturadas na superfície da raiz, aspectos cruciais para PGPR eficientes (ANGUS; HIRSCH, 2013).

Apesar das limitações e da necessidade de validação experimental em condições controladas e de campo, os resultados obtidos demonstram que *S. marcescens* LB1 apresenta características desejáveis para aplicação como biofertilizante e agente de controle biológico. Estudos futuros envolvendo transcriptômica, proteômica e metabolômica poderão elucidar de forma mais profunda como esses genes são regulados em interação com a planta, contribuindo para o desenvolvimento responsável e seguro de insumos microbianos na agricultura sustentável.

Figura 13 – Distribuição das anotações funcionais associadas a mecanismos de promoção de crescimento vegetal (PGPT), agrupadas em sete categorias. Os grupos incluem funções relacionadas à colonização do sistema radicular, exclusão competitiva e biocontrole, resistência a estresses, biofertilização, produção de fitohormônios e sinais vegetais, promoção de resposta imune da planta e biorremediação. As proporções refletem o repertório funcional previsto para a cepa com base em análises BLASTp e HMMER



6 CONCLUSÃO

Os resultados obtidos neste estudo demonstram que *Serratia marcescens* LB1 apresenta características fisiológicas, fenotípicas e genômicas consistentes com linhagens ambientais do gênero, reforçando seu potencial para aplicações em promoção de crescimento vegetal e biocontrole de fitopatógenos. O comportamento no meio de cultivo, incluindo a rápida fase exponencial e a variação do pH ao longo do crescimento, refletiu intensa atividade metabólica, como descrito para *S. marcescens* em ambientes naturais.

A caracterização fenotípica evidenciou coloração vermelho-alaranjada típica da espécie e ausência de hemólise, um indicativo relevante de segurança e compatibilidade com usos agroambientais. Nos ensaios de germinação, o inóculo bacteriano proporcionou germinação mais rápida e maior Índice de Velocidade de Germinação, demonstrando efeito positivo no estabelecimento inicial das plântulas. Embora as análises morfológicas das plântulas não tenham revelado diferenças estatisticamente significativas entre controle e tratamento inoculado, observou-se tendência de maior desenvolvimento radicular, o que pode indicar um estímulo inicial mediado por fitormônios ou aumento da disponibilidade de nutrientes na rizosfera. Esses efeitos sutis sugerem que a manifestação plena do potencial promotor da cepa pode depender de períodos mais longos de cultivo ou de condições ambientais específicas.

Os ensaios de antagonismo confirmaram a elevada capacidade de *S. marcescens* LB1 em suprimir o crescimento de fungos fitopatogênicos, com porcentagens de inibição expressivas e consistentes entre diferentes métodos de avaliação. A ação observada sugere o envolvimento tanto de células bacterianas quanto de metabólitos extracelulares, alinhando-se ao que é descrito para cepas produtoras de enzimas hidrolíticas e compostos antifúngicos.

A análise genômica corroborou a identificação da cepa como *S. marcescens* e revelou um repertório de genes associados à produção de sideróforos, enzimas antifúngicas, metabólitos bioativos e fatores relacionados à interação planta–microrganismo, reforçando sua aptidão para biocontrole e promoção vegetal. Importante destacar que não foram identificados determinantes clássicos de virulência humana, fortalecendo o perfil de segurança da cepa.

Em conjunto, os resultados demonstram que *Serratia marcescens* LB1 representa um isolado promissor para o desenvolvimento de bioinsumos voltados à agricultura sustentável, combinando atividades antagonistas robustas contra fitopatógenos e indícios de estímulo ao desenvolvimento radicular. No entanto, para consolidar sua aplicação prática, são necessários estudos complementares, incluindo avaliações em condições de campo, testes em diferentes substratos, experimentos de maior duração e abordagens ômicas que permitam compreender os mecanismos regulatórios envolvidos. Além disso, recomenda-se a realização de testes de segurança, como avaliação de perfil de resistência antimicrobiana e análises de patogenicidade, assegurando a viabilidade ecológica e sanitária da utilização da cepa.

REFERÊNCIAS

- ABO-ZAID, Gaber Attia *et al.* Evaluation of Bio-Friendly Formulations from Siderophore-Producing Fluorescent *Pseudomonas* as Biocontrol Agents for the Management of Soil-Borne Fungi, *Fusarium oxysporum* and *Rhizoctonia solani*. **Agriculture**, v. 13, n. 7, p. 1418, 18 jul. 2023.
- ABREO, Eduardo; ALTIER, Nora. Pangenome of *Serratia marcescens* strains from nosocomial and environmental origins reveals different populations and the links between them. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 46, 10 jan. 2019.
- AJITHKUMAR, Bindu; *et al.* Spore-forming *Serratia marcescens* subsp. *sakuensis* subsp. nov., isolated from a domestic wastewater treatment tank. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 53, n. 1, p. 253–258, 2003.
- ANGUS, Annette A.; HIRSCH, Ann M. Biofilm formation in the rhizosphere: multispecies interactions and implications for plant growth. **Molecular microbial ecology of the rhizosphere**, v. 1, p. 701-712, 2013.
- AKHTAR, Muhammad Rehan; YOUNAS, Muhammad; XIA, Xiaofeng. Pathogenicity of *Serratia marcescens* strains as biological control agent: Implications for sustainable pest management. **Insect Science**, p. 1744- 7917.13489, 5 fev. 2025.
- ALI, Md. Arshad *et al.* A review on mechanisms and prospects of endophytic bacteria in biocontrol of plant pathogenic fungi and their plant growth-promoting activities. **Heliyon**, v. 10, n. 11, p. e31573, jun. 2024.
- AMARIA, Widi *et al.* Bacterial biocontrol potential against *Rigidoporus microporus*: Hydrolytic enzyme activity and antibiotic inhibition. **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**, v. 23, n. 4, p. 289–299, maio 2024.

ANDREWS, S. FastQC: A Quality Control Tool for High Throughput Sequence Data. 2010. Disponível em: <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>. Acesso em: ago. 2025.

ARTHUR, M.; COURVALIN, P. Genetics and mechanisms of glycopeptide resistance in enterococci. **Antimicrobial Agents and Chemotherapy**, v. 37, n. 8, p. 1563–1571, ago. 1993.

AYAZ, Muhammad *et al.* Bacterial and Fungal Biocontrol Agents for Plant Disease Protection: Journey from Lab to Field, Current Status, Challenges, and Global Perspectives. **Molecules**, v. 28, n. 18, p. 6735, 21 set. 2023.

BACKER, Rachel *et al.* Plant Growth-Promoting Rhizobacteria: Context, Mechanisms of Action, and Roadmap to Commercialization of Biostimulants for Sustainable Agriculture. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1473, 23 out. 2018.

BHARDWAJ, Sonal *et al.* Phosphate solubilizing microorganisms: potential bioinoculants for sustainable agriculture. In: **Beneficial microorganisms in Agriculture**. Singapore: Springer Nature Singapore, 2022. p. 131-159.

BHARDWAJ, Indu *et al.* Evaluation of Stress-Tolerant *Serratia* and *Enterobacter* as PGPR for Nutrient Solubilization and Dose-Dependent Bioformulation to Enhance Tomato Seedlings. **Plants**, v. 14, n. 14, p. 2154, 2025.

BIANCIOTTO, Valeria *et al.* Mucoid Mutants of the Biocontrol Strain *Pseudomonas fluorescens* CHA0 Show Increased Ability in Biofilm Formation on Mycorrhizal and Nonmycorrhizal Carrot Roots. **Molecular Plant-Microbe Interactions®**, v. 14, n. 2, p. 255–260, fev. 2001.

BORTOLOTI, Gillyene; SAMPAIO, Renata Martins. Desafios e estratégias no desenvolvimento dos bioinsumos para controle biológico no Brasil. **Revista Tecnologia e Sociedade**, v. 20, n. 60, p. 291, 24 ago. 2024.

BOWERS, Robert M. *et al.* Minimum information about a single amplified genome (MISAG) and a metagenome-assembled genome (MIMAG) of bacteria and archaea. **Nature Biotechnology**, v. 35, n. 8, p. 725–731, 2017.

BUENO, V. H. P. *et al.* Biological control in Brazil. In: LENTEREN, J. C. Van *et al.* (Orgs.). **Biological control in Latin America and the Caribbean: its rich history and bright future**. Wallingford: CAB International, 2020. p. 78–107.

CARTER-HOUSE, Derreck *et al.* Volatiles from *Serratia marcescens*, *S. proteamaculans*, and *Bacillus subtilis* Inhibit Growth of *Rhizopus stolonifer* and Other Fungi. **bioRxiv**, 7 set. 2020. Disponível em: <<http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2020.09.07.286443>>. Acesso em: 24 nov. 2025

CARVER, Tim *et al.* DNAPlotter: circular and linear interactive genome visualization. **Bioinformatics**, v. 25, n. 1, p. 119–120, 2009.

CARATTOLI, Alessandra *et al.* In Silico Detection and Typing of Plasmids using PlasmidFinder and Plasmid Multilocus Sequence Typing. **Antimicrobial Agents and Chemotherapy**, v. 58, n. 7, p. 3895–3903, jul. 2014.

CHEN, Lihong et al. VFDB 2016: hierarchical and refined dataset for big data analysis—10 years on. **Nucleic Acids Research**, v. 44, n. D1, p. D694–D697, 4 jan. 2016.

CHEN, Yu et al. Accurate long-read de novo assembly evaluation with Inspector. **Genome Biology**, v. 22, n. 1, p. 312, 2021.

CHIQUEITO-CONTRERAS, César J. et al. Molecular insights into plant–microbe interactions: A comprehensive review of key mechanisms. **Frontiers in Bioscience-Elite**, v. 16, n. 1, p. 9, 2024.

CLAUSSEN, Maike; SCHMIDT, Stefan. Draft Genome of an AmpC- β -Lactamase Producing *Serratia marcescens* Isolate from Fresh farm Tomatoes in South Africa. **Microbiology and Biotechnology Letters**, v. 51, n. 3, p. 309–313, 28 set. 2023.

COLIN, Remy et al. Multiple functions of flagellar motility and chemotaxis in bacterial physiology. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 45, n. 6, p. fuab038, 23 nov. 2021.

CORDOVEZ, Viviane et al. Diversity and functions of volatile organic compounds produced by *Streptomyces* from a disease-suppressive soil. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, 9 out. 2015.

COSIMATO, Ilaria et al. Current Epidemiological Status and Antibiotic Resistance Profile of *Serratia marcescens*. **Antibiotics**, v. 13, n. 4, p. 323, 3 abr. 2024.

COSTA, Ohana Y. A.; RAAIJMAKERS, Jos M.; KURAMAE, Eiko E. Microbial Extracellular Polymeric Substances: Ecological Function and Impact on Soil Aggregation. **Frontiers in Microbiology**, v. 9, p. 1636, 23 jul. 2018.

DALIGAULT, H. E. et al. Genome assembly of *Serratia marcescens* type strain ATCC 13880. **Genome announcements**, v. 2, n. 5, p. 10.1128/genomea.00967-14, 2014.

DARSHAN, N.; MANONMANI, H. K. Prodigiosin and its potential applications. **Journal of Food Science and Technology**, v. 52, n. 9, p. 5393–5407, set. 2015.

DE OLIVEIRA, Rodrigo Silva et al. Survey and genomic characterization of *Serratia marcescens* on endophytism, biofilm, and phosphorus solubilization in rice plants. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 31, n. 57, p. 65834–65848, 28 nov. 2024.

DHAR PURKAYASTHA, Gargee et al. Evaluation of the biocontrol efficacy of a *Serratia marcescens* strain indigenous to tea rhizosphere for the management of root rot disease in tea. **PLOS ONE**, v. 13, n. 2, p. e0191761, 21 fev. 2018.

DIBELLI, S. G. Evidenciação de múltiplos traços de promoção de crescimento vegetal em isolados de comunidades bacterianas associadas a cana-de-açúcar. 2023.

DONG, H.; BEER, S. V. Riboflavin Induces Disease Resistance in Plants by Activating a Novel Signal Transduction Pathway. **Phytopathology®**, v. 90, n. 8, p. 801–811, ago. 2000.

DOSTER, Enrique et al. MEGARes 2.0: a database for classification of antimicrobial drug, biocide and metal resistance determinants in metagenomic sequence data. **Nucleic Acids Research**, v. 48, n. D1, p. D561–D569, 8 jan. 2020.

DOWNING, Katrina J.; THOMSON, Jennifer A. Introduction of the *Serratia marcescens* *chiA* gene into an endophytic *Pseudomonas fluorescens* for the biocontrol of phytopathogenic fungi. **Canadian Journal of Microbiology**, v. 46, n. 4, p. 363–369, 1 abr. 2000.

DUZHAK, A. B. et al. Role of prodigiosin and chitinases in antagonistic activity of the bacterium *Serratia marcescens* against the fungus *Didymella applanata*. **Biochemistry (Moscow)**, v. 77, n. 8, p. 910–916, ago. 2012b.

FACKLAM, R. R. J. A. Streptococcus and related catalase negative gram positive cocci. **Manual of clinical microbiology**, p. 238–257, 1992.

FELDGARDEN, Michael et al. Validating the AMRFinder tool and resistance gene database by using antimicrobial resistance genotype-phenotype correlations in a collection of isolates. **Antimicrobial Agents and Chemotherapy**, v. 63, n. 11, p. e00483–19, 2019.

FERNANDES, Mariana Ferreira Rabelo et al. Biotechnological potential of bacteria from genera *Bacillus* *Paraburkholderia* and *Pseudomonas* to control seed fungal pathogens. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 52, n. 2, p. 705–714, jun. 2021.

FERNANDO, W. G. Dilantha et al. Identification and use of potential bacterial organic antifungal volatiles in biocontrol. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 37, n. 5, p. 955–964, maio 2005.

FLEMMING, Hans-Curt; WINGENDER, Jost. The biofilm matrix. **Nature Reviews Microbiology**, v. 8, n. 9, p. 623–633, set. 2010.

FLETCHER, Stephanie. Understanding the contribution of environmental factors in the spread of antimicrobial resistance. **Environmental Health and Preventive Medicine**, v. 20, n. 4, p. 243–252, jul. 2015.

FREITAS-SILVA, O. et al. Ocorrência e produção de micotoxinas por isolados de *Alternaria alternata* em tomate. p. 3p, 2001.

GABOARDI, Shaiane Carla; CANDIOTTO, Luciano Zanetti Pessôa; PANIS, Carolina. Agribusiness in Brazil and its dependence on the use of pesticides. **Hygiene and Environmental Health Advances**, v. 8, p. 100080, dez. 2023.

GAO, Min et al. The abundance and diversity of antibiotic resistance genes in the atmospheric environment of composting plants. **Environment International**, v. 116, p. 229–238, jul. 2018.

GLICK, Bernard R. Plant Growth-Promoting Bacteria: Mechanisms and Applications. **Scientifica**, v. 2012, p. 1–15, 2012.

GONG, Andong *et al.* Dual activity of *Serratia marcescens* Pt-3 in phosphate-solubilizing and production of antifungal volatiles. **BMC Microbiology**, v. 22, n. 1, p. 26, dez. 2022.

GUEST, Randi L.; RAIVIO, Tracy L. Role of the Gram-Negative Envelope Stress Response in the Presence of Antimicrobial Agents. **Trends in Microbiology**, v. 24, n. 5, p. 377–390, maio 2016.

GUREVICH, Alexey *et al.* QUASt: quality assessment tool for genome assemblies. **Bioinformatics**, v. 29, n. 8, p. 1072–1075, 15 abr. 2013.

GUTIÉRREZ-ROMÁN, Martha Ingrid *et al.* Production of prodigiosin and chitinases by tropical *Serratia marcescens* strains with potential to control plant pathogens. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 28, n. 1, p. 145–153, jan. 2012.

HADDIX, Pryce L.; SHANKS, Robert M. Q. Prodigiosin pigment of *Serratia marcescens* is associated with increased biomass production. **Archives of Microbiology**, v. 200, n. 7, p. 989–999, set. 2018.

HAGGAG, W. M.; TIMMUSK, S. Colonization of peanut roots by biofilm-forming *Paenibacillus polymyxa* initiates biocontrol against crown rot disease. **Journal of Applied Microbiology**, v. 104, n. 4, p. 961–969, abr. 2008.

HAMADA, Marwa A.; SOLIMAN, Elham R. S. Characterization and genomics identification of key genes involved in denitrification-DNRA-nitrification pathway of plant growth-promoting rhizobacteria (*Serratia marcescens* OK482790). **BMC Microbiology**, v. 23, n. 1, p. 210, 5 ago. 2023.

HARIMAWAN, Ardiyan *et al.* INFLUENCE OF INITIAL pH SOLUTION ON BIOFILM FORMATION AND CORROSION OF CARBON STEEL BY *Serratia marcescens*. **Reaktor**, v. 17, n. 2, p. 89–95, 13 jun. 2017.

HEENAN-DALY, Darren *et al.* Volatile Compounds From *Bacillus*, *Serratia*, and *Pseudomonas* Promote Growth and Alter the Transcriptional Landscape of *Solanum tuberosum* in a Passively Ventilated Growth System. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 628437, 21 jul. 2021.

HEJAZI, A.; FALKINER, F. R. *Serratia marcescens*. **Journal of Medical Microbiology**, v. 46, n. 11, p. 903–912, 1 nov. 1997.

HUNT, Martin *et al.* Circlator: automated circularization of genome assemblies using long sequencing reads. **Genome Biology**, v. 16, n. 1, p. 294, 2015.

IASAKOV, T. R. *et al.* Evolution and Comparative Genomics of the pSM22 Plasmid of the IncF/MOBF12 Group. **Molecular Biology**, v. 53, n. 4, p. 535–546, jul. 2019.

INGLE, Danielle J. *et al.* In silico serotyping of *E. coli* from short read data identifies limited novel O-loci but extensive diversity of O:H serotype combinations within and between pathogenic lineages. **Microbial Genomics**, v. 2, n. 7, 11 jul. 2016.

Ishiwata S. (1901) On a kind of severe flacherie (sotto disease) (No. 1), Dainihon Sanshi Kaiho. 114, 1–5 (original in Japanese).

ISLAM, Tarekul *et al.* Resistance Mechanisms of Plant Pathogenic Fungi to Fungicide, Environmental Impacts of Fungicides, and Sustainable Solutions. **Plants**, v. 13, n. 19, p. 2737, 30 set. 2024.

JAYARAJ, Ravindran; MEGHA, Pankajshan; SREEDEV, Puthur. Review Article. Organochlorine pesticides, their toxic effects on living organisms and their fate in the environment. **Interdisciplinary Toxicology**, v. 9, n. 3–4, p. 90–100, 1 dez. 2016.

JEONG, Haeyoung; KLOEPPER, Joseph W.; RYU, Choong-Min. Genome Sequence of Rhizobacterium *Serratia marcescens* Strain 90-166, Which Triggers Induced Systemic Resistance and Plant Growth Promotion. **Genome Announcements**, v. 3, n. 3, p. e00667-15, 25 jun. 2015.

JIA, Baofeng *et al.* CARD 2017: expansion and model-centric curation of the comprehensive antibiotic resistance database. **Nucleic Acids Research**, v. 45, n. D1, p. D566–D573, 4 jan. 2017.

JUNAID, Jan Mohd *et al.* Commercial Biocontrol Agents and Their Mechanism of Action in the Management of Plant Pathogens. **Anim. Sci.**, 2013.

Kaira G. S., Dhakar K., Pandey A. “A psychrotolerant strain of *Serratia marcescens* (MTCC 4822) produces laccase at wide temperature and pH range.” **AMB Express**. 2015 Jan 16;5:1. doi:10.1186/s13568-014-0092-1.

KANNAN, V. Rajesh; BASTAS, Kubilay Kurtulus (ORGS.). **Sustainable Approaches to Controlling Plant Pathogenic Bacteria**. 0. ed. [S.l.]: CRC Press, 2015.

KASHYAP, Abhijeet Shankar *et al.* Screening microbial inoculants and their interventions for cross-kingdom management of wilt disease of solanaceous crops- a step toward sustainable agriculture. **Frontiers in Microbiology**, v. 14, p. 1174532, 14 jun. 2023.

KHAN, Abdur Rahim *et al.* Complete genome analysis of *Serratia marcescens* RSC-14: A plant growth-promoting bacterium that alleviates cadmium stress in host plants. **PLOS ONE**, v. 12, n. 2, p. e0171534, 10 fev. 2017.

KHANAFARI, Anita; ASSADI, Mahnaz Mazaheri; FAKHR, Fatemeh Ahmadi. Review of Prodigiosin, Pigmentation in *Serratia marcescens*. **OnLine Journal of Biological Sciences**, v. 6, n. 1, p. 1–13, 1 jan. 2006.

KOBAYASHI, Kazuo; IWANO, Megumi. BslA(YuaB) forms a hydrophobic layer on the surface of *Bacillus subtilis* biofilms. **Molecular Microbiology**, v. 85, n. 1, p. 51–66, jul. 2012.

KOHANSKI, Michael A.; DWYER, Daniel J.; COLLINS, James J. How antibiotics kill bacteria: from targets to networks. **Nature Reviews Microbiology**, v. 8, n. 6, p. 423–435, jun. 2010.

KOLMOGOROV, Mikhail et al. Assembly of long, error-prone reads using repeat graphs. **Nature biotechnology**, v. 37, n. 5, p. 540-546, 2019.

KULKOVA, Iryna; WRÓBEL, Barbara; DOBRZYŃSKI, Jakub. *Serratia* spp. as plant growth-promoting bacteria alleviating salinity, drought, and nutrient imbalance stresses. **Frontiers in Microbiology**, v. 15, p. 1342331, 18 mar. 2024.

KURZ, C. L. Virulence factors of the human opportunistic pathogen *Serratia marcescens* identified by in vivo screening. **The EMBO Journal**, v. 22, n. 7, p. 1451–1460, abr. 2003.

KWAK, Yunyoung; KHAN, Abdur Rahim; SHIN, Jae-Ho. Genome sequence of *Serratia nematodiphila* DSM 21420T, a symbiotic bacterium from entomopathogenic nematode. **Journal of Biotechnology**, v. 193, p. 1–2, jan. 2015.

LEVENE, H. Robust tests for equality of variances. In: OLKIN, I. (Ed.). Contributions to probability and statistics. **Palo Alto: Stanford University Press**, 1960. p. 278-292.

LI, H.; HOMER, N. A survey of sequence alignment algorithms for next-generation sequencing. **Briefings in Bioinformatics**, 2010.

LI, Heng et al. The sequence alignment/map format and SAMtools. **bioinformatics**, v. 25, n. 16, p. 2078-2079, 2009.

LI, Heng. Minimap2: pairwise alignment for nucleotide sequences. **Bioinformatics**, v. 34, n. 18, p. 3094–3100, 15 set. 2018.

LIGNANI, Leonardo De Bem; BRANDÃO, Júlia Lima Gorges. A ditadura dos agrotóxicos: o Programa Nacional de Defensivos Agrícolas e as mudanças na produção e no consumo de pesticidas no Brasil, 1975-1985. **História, Ciências, Saúde-Manguinhos**, v. 29, n. 2, p. 337–359, jun. 2022.

LING, Lijun et al. Volatile organic compounds produced by *Bacillus velezensis* L1 as a potential biocontrol agent against postharvest diseases of wolfberry. **Frontiers in Microbiology**, v. 13, p. 987844, 24 ago. 2022.

LIU, Xiao et al. Global genomic epidemiology and plasmid-mediated dissemination of blaKPC and blaNDM in the *Serratia marcescens* complex. **Current Research in Microbial Sciences**, p. 100436, 2025.

LIU, Yunpeng et al. Root colonization by beneficial rhizobacteria. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 48, n. 1, p. fuad066, 2024.

LÓPEZ-BENÍTEZ, Acela et al. Concentrations of Organochlorine, Organophosphorus, and Pyrethroid Pesticides in Rivers Worldwide (2014–2024): A Review. **Sustainability**, v. 16, n. 18, p. 8066, 15 set. 2024.

MAGUIRE, James D. Speed of Germination—Aid In Selection And Evaluation for Seedling Emergence And Vigor. **Crop Science**, v. 2, n. 2, p. 176–177, mar. 1962.

MAHLEN, Steven D. *Serratia* Infections: from Military Experiments to Current Practice. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 24, n. 4, p. 755–791, out. 2011.

MANN, Henry B.; WHITNEY, Donald R. On a test of whether one of two random variables is stochastically larger than the other. **The annals of mathematical statistics**, p. 50-60, 1947.

MANNI, Mosè et al. BUSCO: Assessing Genomic Data Quality and Beyond. *Current Protocols*, v. 1, n. 12, p. e323, dez. 2021.

MATTEOLI, Filipe P. *et al.* Genome sequencing and assessment of plant growth-promoting properties of a *Serratia marcescens* strain isolated from vermicompost. **BMC Genomics**, v. 19, n. 1, p. 750, dez. 2018.

MEIER-KOLTHOFF, Jan P.; GÖKER, Markus. TYGS is an automated high-throughput platform for state-of-the-art genome-based taxonomy. **Nature Communications**, v. 10, n. 1, p. 2182, 2019.

MEIER-KOLTHOFF, Jan P. *et al.* Genome sequence-based species delimitation with confidence intervals and improved distance functions. **BMC Bioinformatics**, v. 14, n. 1, p. 60, dez. 2013.

MERLINO, C. P. BARTOLOMEO BIZIO'S LETTER TO THE MOST EMINENT PRIEST, ANGELO BELLANI, CONCERNING THE PHENOMENON OF THE RED-COLORED POLENTA^a. **Journal of Bacteriology**, v. 9, n. 6, p. 527–543, nov. 1924.

MIKHAIL, Kolmogorov; YUAN, Jeffrey; LIN, Yu; PEVZNER, Pavel. Assembly of long error-prone reads using repeat graphs. **Nature Biotechnology**, 2019. doi:10.1038/s41587-019-0072-8

MOREIRA, Maria Aparecida Scatamburlo; SOUZA, Edmar Chartone De; MORAES, Célia Alencar De. Multidrug efflux systems in Gram-negative bacteria. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 35, n. 1–2, jun. 2004.

MUKHERJEE, Sampriti; BASSLER, Bonnie L. Bacterial quorum sensing in complex and dynamically changing environments. **Nature Reviews Microbiology**, v. 17, n. 6, p. 371–382, jun. 2019.

NASCENTE, Adriano Stephan et al. Biochemical characterization of individual and combined plant growth-promoting microorganisms. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 53, p. e75376, 2023.

NATH, Anamika *et al.* Pesticides and Chemical Fertilizers: Role in Soil Degradation, Groundwater Contamination, and Human Health. *In*: SINGH, Rishikesh *et al.* (Orgs.). **Xenobiotics in Urban Ecosystems**. Cham: Springer International Publishing, 2023. p. 131–160.

Novaková *et al.* “Effects of temperature, pH and NaCl content on in vitro putrescine and cadaverine production through the growth of *Serratia marcescens* CCM 303.” **Food Control**. 2015.

O'BRIEN, Philip A. Biological control of plant diseases. **Australasian Plant Pathology**, v. 46, n. 4, p. 293–304, jul. 2017.

OUYANG, Liming; PEI, Haiyan; XU, Zhaohui. Low nitrogen stress stimulating the indole-3-acetic acid biosynthesis of *Serratia* sp. ZM is vital for the survival of the bacterium and its plant growth-promoting characteristic. **Archives of Microbiology**, v. 199, n. 3, p. 425–432, abr. 2017.

OXFORD NANOPORE TECHNOLOGIES LTD. Dorado. [S.l.]: GitHub, 2024. Disponível em: <https://github.com/nanoporetech/dorado>. Acesso em: ago. 2025.

OXFORD NANOPORE TECHNOLOGIES LTD. Medaka. [S.l.]: GitHub, 2018. Disponível em: <https://github.com/nanoporetech/medaka>. Acesso em: ago. 2025.

PARKS, Donovan H. *et al.* CheckM: assessing the quality of microbial genomes recovered from isolates, single cells, and metagenomes. **Genome Research**, v. 25, n. 7, p. 1043–1055, jul. 2015.

PARTRIDGE, Sally R. *et al.* Mobile Genetic Elements Associated with Antimicrobial Resistance. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 31, n. 4, p. e00088-17, out. 2018.

PATZ, S. *et al.* PLaBAs: A comprehensive web resource for analyzing the plant growth-promoting potential of plant-associated bacteria. 15 dez. 2021. Disponível em: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.12.13.472471>

PENG, Yan *et al.* Research Progress on Phytopathogenic Fungi and Their Role as Biocontrol Agents. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 670135, 28 maio 2021.

PEREIRA, Érika Jôysielly Mendonça Castro *et al.* Biocontrol Potential of *Serratia Marcescens* (B8) and *Bacillus* sp. (B13) Isolated from Urban Mangroves in Raposa, Brazil. **Life**, v. 13, n. 10, p. 2036, 11 out. 2023.

PITOUT, Johann Dd; LAUPLAND, Kevin B. Extended-spectrum β -lactamase-producing Enterobacteriaceae: an emerging public-health concern. **The Lancet Infectious Diseases**, v. 8, n. 3, p. 159–166, mar. 2008.

PLYUTA, Vladimir *et al.* Influence of volatile organic compounds emitted by *Pseudomonas* and *Serratia* strains on *Agrobacterium tumefaciens* biofilms. **APMIS**, v. 124, n. 7, p. 586–594, jul. 2016.

QIN, Han *et al.* RpoS is a pleiotropic regulator of motility, biofilm formation, exoenzymes, siderophore and prodigiosin production, and trade-off during prolonged stationary phase in *Serratia marcescens*. **PLOS ONE**, v. 15, n. 6, p. e0232549, 2 jun. 2020.

QUEIROZ, Brigida Pimentel Villar De; MELO, Itamar Soares De. Antagonism of *Serratia marcescens* towards *Phytophthora parasitica* and its effects in promoting the growth of citrus. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 37, n. 4, p. 448–450, dez. 2006.

Rodrigues *et al.* “Sustainable biosurfactant produced by *Serratia marcescens* UCP 1549 and its suitability for agricultural and marine bioremediation applications.” **Microbial Cell Factories**. 2018.

ROBINSON, James T. *et al.* igv.js: an embeddable JavaScript implementation of the Integrative Genomics Viewer (IGV). **Bioinformatics**, v. 39, n. 1, p. btac830, 1 jan. 2023.

SAHA, Maumita *et al.* Microbial siderophores and their potential applications: a review. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 23, n. 5, p. 3984–3999, mar. 2016.

SANDNER-MIRANDA, Luisa *et al.* The Genomic Basis of Intrinsic and Acquired Antibiotic Resistance in the Genus *Serratia*. **Frontiers in Microbiology**, v. 9, p. 828, 11 maio 2018.

SAYERS, Samantha *et al.* Victors: a web-based knowledge base of virulence factors in human and animal pathogens. **Nucleic acids research**, v. 47, n. D1, p. D693-D700, 2019.

SCHMIEDER, Robert; EDWARDS, Robert. Quality control and preprocessing of metagenomic datasets. **Bioinformatics**, v. 27, n. 6, p. 863–864, 2011.

SEEMANN, T. Abriicate. [S.l.]: GitHub, 2024. Disponível em: <https://github.com/tseemann/abriicate>. Acesso em: ago. 2025.

SAHA, Maumita *et al.* Microbial siderophores and their potential applications: a review. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 23, n. 5, p. 3984-3999, 2016.

SHAO, Zhengying *et al.* Siderophore interactions drive the ability of *Pseudomonas* spp . consortia to protect tomato against *Ralstonia solanacearum* . **Horticulture Research**, v. 11, n. 9, p. uhae186, 4 set. 2024.

SHARIPOVA, M. R. *et al.* Bistability and Formation of the Biofilm Matrix as Adaptive Mechanisms during the Stationary Phase of *Bacillus subtilis*. **Microbiology**, v. 90, n. 1, p. 20–36, jan. 2021.

SHARMA, Anket *et al.* Worldwide pesticide usage and its impacts on ecosystem. **SN Applied Sciences**, v. 1, n. 11, p. 1446, 2019.

SHAPIRO, Samuel Sanford; WILK, Martin B. An analysis of variance test for normality (complete samples). **Biometrika**, v. 52, n. 3-4, p. 591-611, 1965.

SILVA, Cristiane Rodrigues *et al.* Genomic analysis and plant growth-promoting potential of a *Serratia marcescens* isolated from food. **Research, Society and Development**, v. 11, n. 1, p. e29611124799, 7 jan. 2022.

SOENENS, Amalia; IMPERIAL, Juan. Biocontrol capabilities of the genus *Serratia*. **Phytochemistry Reviews**, v. 19, n. 3, p. 577–587, jun. 2020.

SOUZA, Marília Cristina Oliveira *et al.* Recent trends in pesticides in crops: A critical review of the duality of risks-benefits and the Brazilian legislation issue. **Environmental Research**, v. 228, p. 115811, jul. 2023.

TATUSOVA, Tatiana *et al.* NCBI prokaryotic genome annotation pipeline. **Nucleic Acids Research**, v. 44, n. 14, p. 6614–6624, 2016.

TEHERAN-SIERRA, L. G. *et al.* Bacterial communities associated with sugarcane under different agricultural management exhibit a diversity of plant growth-promoting traits and evidence of synergistic effect. **Microbiological Research**, v. 247, p. 126729, 2021.

THE GENOME STANDARDS CONSORTIUM *et al.* Minimum information about a single amplified genome (MISAG) and a metagenome-assembled genome (MIMAG) of bacteria and archaea. **Nature Biotechnology**, v. 35, n. 8, p. 725–731, ago. 2017.

THOMPSON, Stuart A. *et al.* Novel Tetracycline Resistance Determinant Isolated from an Environmental Strain of *Serratia marcescens*. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 73, n. 7, p. 2199–2206, abr. 2007.

TOZLU, Elif *et al.* Investigation on the biological control of *Alternaria alternata*. **The Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 88, n. 8, p. 1241–1247, 21 ago. 2018.

TUTTOBENE, Marisel R. *et al.* PrtA-mediated flagellar turnover is essential for robust biofilm development in *Serratia marcescens*. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 91, n. 9, p. e01261-25, 17 set. 2025.

VASQUES, Natalia Caetano; NOGUEIRA, Marco Antonio; HUNGRIA, Mariangela. Increasing Application of Multifunctional *Bacillus* for Biocontrol of Pests and Diseases and Plant Growth Promotion: Lessons from Brazil. **Agronomy**, v. 14, n. 8, p. 1654, 27 jul. 2024.

VENTURI, Vittorio; KEEL, Christoph. Signaling in the Rhizosphere. **Trends in Plant Science**, v. 21, n. 3, p. 187–198, mar. 2016.

VESSEY, J. Kevin. Plant growth promoting rhizobacteria as biofertilizers. **Plant and Soil**, v. 255, n. 2, p. 571–586, ago. 2003.

WANG, Dan *et al.* Genomic Insights and Functional Analysis Reveal Plant Growth Promotion Traits of *Paenibacillus mucilaginosus* G78. **Genes**, v. 14, n. 2, p. 392, 2 fev. 2023.

WILLIAMS, Robert P. Biosynthesis of Prodigiosin, a Secondary Metabolite of *Serratia marcescens*. **Applied Microbiology**, v. 25, n. 3, p. 396–402, mar. 1973.

XIN, H. *et al.* Secretions from *Serratia marcescens* inhibit the growth and biofilm formation of *Candida* spp. and *Cryptococcus neoformans*. **Microbiological Research**, v. 267, p. 127239, 2023.

YAN, Jichen *et al.* Metabolomic Analyses Reveal That IAA from *Serratia marcescens* Lkbn100 Promotes Plant Defense during Infection of *Fusarium graminearum* in Sorghum. **Plants**, v. 13, n. 16, p. 2184, 7 ago. 2024.

YUSUF, Abdulhamid *et al.* Harnessing plant–microbe interactions: strategies for enhancing resilience and nutrient acquisition for sustainable agriculture. **Frontiers in Plant Science**, v. 16, p. 1503730, 15 abr. 2025.

ZAREI, Mandana *et al.* Characterization of a chitinase with antifungal activity from a native *Serratia marcescens* B4A. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 42, n. 3, p. 1017–1029, set. 2011.

ZHANG, Chunlei *et al.* *Serratia marcescens* PLR enhances lateral root formation through supplying PLR-derived auxin and enhancing auxin biosynthesis in *Arabidopsis*. **Journal of Experimental Botany**, v. 73, n. 11, p. 3711–3725, 2 jun. 2022.

ZHANG, Xu *et al.* *Serratia marcescens* LYGN1 Reforms the Rhizosphere Microbial Community and Promotes Cucumber and Pepper Growth in Plug Seedling Cultivation. **Plants**, v. 13, n. 5, p. 592, 22 fev. 2024.

ZIVKOVIC ZARIC, Radica *et al.* Antimicrobial Treatment of *Serratia marcescens* Invasive Infections: Systematic Review. **Antibiotics**, v. 12, n. 2, p. 367, 9 fev. 2023.

APÊNDICE – ANOTAÇÃO COMPLETA DOS GENES DA CEPA *Serratia marcescens* LB1

Os arquivos utilizados para a etapa de anotação funcional, incluindo o arquivo PGPT_ALL e demais arquivos gerados pelas plataformas de análise genômica, estão disponibilizados em repositório digital no Zenodo. O acesso está disponível no link: <https://zenodo.org/records/17699436>