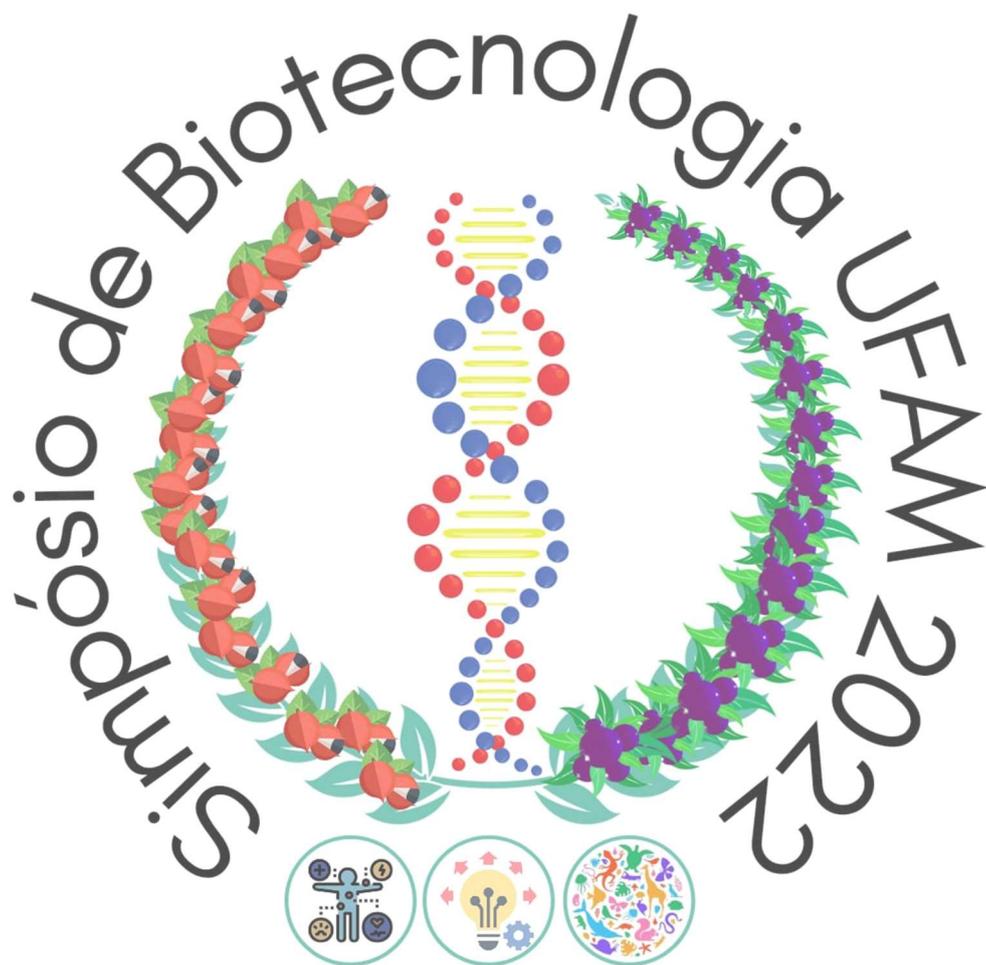


ANAIS

RESUMOS EXPANDIDOS – 2022



Manaus – Março de 2022



Manaus - Amazonas
3 a 5 de março de 2022

1º Simpósio de Biotecnologia da UFAM

Estratégias Biotecnológicas para o
desenvolvimento sustentável da Amazônia



COMISSÃO ORGANIZADORA DOCENTE

Msc Diego Ken Osoegawa

Dr^a. Doriane Picanço Rodrigues

Dr^a. Rosany Piccolotto Carvalho

Dr. Spartaco Astolfi Filho

COMISSÃO ORGANIZADORA DISCENTE

Msc Michele Caldeira Magdalena Ribeiro

Msc Roberto Alexandre Alves Barbosa Filho

Esp. Romário da Silva Santana





Manaus - Amazonas
3 a 5 de março de 2022

1º Simpósio de Biotecnologia da UFAM

Estratégias Biotecnológicas para o
desenvolvimento sustentável da Amazônia



UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS

REITOR

Sylvio Mário Puga Ferreira

VICE-REITORA

Therezinha de Jesus Pinto Fraxe

EDITOR - EDUA

Sérgio Augusto Freire de Souza

Ficha Catalográfica elaborada por Rita Cintia Pinto Vieira - CRB 11/718

S612a Simpósio de Biotecnologia da Universidade Federal do Amazonas 2022 (1. :
2022 : Manaus, AM)
Anais [recurso eletrônico]: resumos expandidos – 2022: Simpósio de
Biotecnologia da Universidade Federal do Amazonas 2022. – Manaus:
EDUA, 2022.
43 p.

ISBN: 978-65-5839-057-2

1. Biotecnologia - Amazônia. 2. Estratégias biotecnológicas -
desenvolvimento sustentável. I. Título. II. Série.

CDU 60(811)

MINERAÇÃO GENÔMICA DE *Burkholderia cepacia* AP09 ISOLADA DE SEDIMENTOS DO RIO AMAZONAS

CAMPELO¹ Marina Maia, SOUSA, Thiago Fernandes^{2,3}; DE QUEIROZ, Cláudia Afras²; DA SILVA, Gilvan Ferreira²

¹Instituto Federal do Amazonas (IFAM), ²Embrapa Amazônia Ocidental (CPAA), ³Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, Universidade Federal do Amazonas (UFAM);

Introdução: O gênero *Burkholderia* (Classe: Betaproteobacteria) dispõe de uma grande diversidade metabólica com uma ampla gama de aplicações biotecnológicas, além de serem utilizadas no controle de fitopatógenos, promoção de crescimento de plantas e biorremediação. Atualmente mais de 1000 genomas de *Burkholderia* estão disponíveis em bancos de dados, permitindo acessar potencial metabólico do gênero para produção tanto de novas moléculas quanto de produtos naturais já conhecidos via mineração genômica. Dentre os metabólitos produzidos por *Burkholderia* destaca-se a produção de pirrolnitrina, uma molécula halogenada com propriedades antifúngicas, antibióticas que já foi relacionada com a supressão de fitopatógenos em testes *in vivo*. O agrupamento de genes biossintéticos responsável pela produção de pirrolnitrina foi primeiramente descrito em *Pseudomonas fluorescens*, onde os genes *prnABCD* codificam enzimas que convertem o aminoácido triptofano neste potente antimicrobiano. O presente estudo está focado na linhagem AP09 isolada de sedimentos da foz do Rio Amazonas e tem como objetivo realizar a identificação molecular utilizando os barcodes 16S, *trpB*, *recA* e *gyrB* e mineração de genoma visando caracterizar o potencial biossintético e biotecnológico dessa linhagem.

Material e métodos: A obtenção da linhagem AP09 foi realizada por diluição seriada de 1 grama de sedimentos coletados na foz do rio Amazonas na concentração de 10³ e inoculado em meio ISP2. A linhagem foi submetida a extração de DNA e sequenciamento Illumina com pair-end de 150 pb e cobertura de 100x. A anotação de cluster gênicos biossintéticos foi realizada na plataforma Antismash e predição funcional dos genes do cluster pelas plataformas pfam e NCBI. Para identificação da linhagem AP09 as sequências correspondentes a região 16S e genes *trpB*, *recA* e *gyrB* foram alinhadas com sequências disponíveis no Genbank por meio da ferramenta BLAST.

Resultados e discussão: A linhagem AP09 apresentou 99,93% de identidade na região 16S com a espécie tipo de *B. cepacia* (ATCC 25416) e 99,75, 99,60 e 98,70% de identidade com os genes *trpB*, *recA* e *gyrB* respectivamente. A anotação de clusters gênicos biossintéticos (BGC's) pelo Antismash resultou em 21 BGC's de 14 classes distintas de metabólitos secundários, sendo a classe de terpenos a mais predominante (4 BGC's). O BGC localizado no scaffold 75 apresentou 100% de similaridade com o BGC responsável pela biossíntese de pirrolnitrina apresentando os genes biossintéticos: *prnA* (Halogenase), *prnB* (pyrrolnitrin sintase), *prnC* (halogenase), *prnD* (oxidase), *adh* (Desidrogenase), *palp* (cisteína sintase), *dgc* (Diguanilato sintase); genes regulatórios: *lysR* (fator de transcrição), *czrR* (regulador de condução transmembrana); e genes de transporte *lysE* e *NodT* (transportador). Apesar de possuir todo arsenal genético para produção de pirrolnitrina, testes de antagonismo contra diferentes fitopatógenos não mostraram resultados de inibição significativos, indicando que o cluster localizado no scaffold 75 por ser críptico ou inativo em condições de laboratório. A presença de genes regulatórios responsivos a metais pesados como *czrR* pode fornecer alternativas para o desbloqueio dessa via biossintética e produção de pirrolnitrina por *B. cepacia* AP09. No presente confirmamos o potencial da linhagem AP09 para produção de pirrolnitrina.

Apoio: FAPEAM, CNPq e CAPES

