

DIVERSIDADE DE CLUSTERS GÊNICOS BIOSINTÉTICOS EM *Streptomyces* sp. MAD39, ISOLADO COM POTENCIAL PARA BIOCONTROLE DE PATÓGENOS DE CADEIAS AGRÍCOLAS REGIONAIS

CAMPOS, Caio César Barbosa¹; SOUSA, Thiago Fernandes¹; SILVA, Ingrid Jarline da¹; YAMAGISHI, Michel E. Beleza²; SILVA, Gilvan Ferreira da³

¹Universidade Federal do Amazonas; ²Embrapa Informática; ³Embrapa Amazônia Ocidental

E-mail: caiocezarccbc@gmail.com

Introdução: *Streptomyces* são bactérias gram-positivas, filamentosas e produtoras de esporos, reconhecidas pela produção de antibióticos, promoção de crescimento de plantas e biocontrole de patógenos de interesse agrícola. Recentemente, espécies desse gênero têm sido estudadas com foco na análise genômica para identificação e prospecção de vias biossintéticas visando a obtenção de moléculas bioativas com aplicação biotecnológica através de ferramentas de bioinformática como antiSMASH, PFAM e BLAST (1). Dois exemplos de *Streptomyces* que foi utilizada esse tipo de abordagem para obtenção de novas moléculas são *S. albidoflavus* e *S. violaceusniger* que respectivamente possuem atividade antagonista contra *Rhizoctonia* sp. e *Fusarium* sp. (2,3). Durante um estudo com a microbiota aquática de sedimentos do Rio Madeira, uma actinobactéria foi selecionada para sequenciamento de genoma completo devido a sua habilidade em inibir os fungos fitopatogênicos como: *Colletotrichum siamense*, *Fusarium decemcellulare* e *Moniliophthora perniciosa* que são agentes causais da antracnose, superbrotamento e vassoura de bruxa. Neste contexto, o presente trabalho tem como objetivo realizar a mineração genômica visando caracterizar o potencial biossintético e biotecnológico, bem como realizar a identificação filogenômica da linhagem MAD39. **Material e Métodos:** O genoma do isolado MAD39 foi sequenciado com base na plataforma Illumina com *read length* de 2 x 150 bp (Paired End) e cobertura de 100X. Com base no genoma montado, a plataforma antiSMASH Bacterial Version foi usada para a identificação de BGC's (clusters gênicos biossintéticos), determinação da classe das moléculas e função dos genes. A predição de função de cada gene foi realizada por meio de análise de domínios na plataforma PFAM e por meio de BLAST no NCBI. A identificação do isolado MAD39 foi realizada por dDDH e filogenômica utilizando a plataforma TYGS. O acesso ao patrimônio genético foi autorizado pelo SISGEN No AB6B14F. Também foram realizados testes de antagonismo contra os 3 agentes fitopatogênicos: *Colletotrichum siamense*, *Fusarium decemcellulare* e *Moniliophthora perniciosa*. **Resultados e Discussão:** Em testes *in vitro* de inibição contra *Colletotrichum siamense*, *Fusarium decemcellulare* e *Moniliophthora perniciosa* a MAD 39 foi capaz de inibir o crescimento de 73%, 73% e 90%, respectivamente. Com base no genoma completo de MAD39 linhagem foram identificados 124 clusters biossintéticos, incluído 13 clusters para produção de terpenos, 27 para NRP (peptídeos não ribossomais), 7 para produção de sideróforos, 35 para policetídeos e 1 para antibióticos da classe das fenazinas, entre outros que podem ter diversas aplicações biotecnológicas. Vale ressaltar que dentre estes 124 clusters apenas 10 possuem 80% ou mais de similaridade com clusters biossintéticos com funções já determinadas, ou seja, há 114 clusters biossintéticos que não apresentaram similaridade com BGC's depositados nos bancos de dados, indicando que esses BGC's podem estar relacionados a vias de biossíntese de novas moléculas ou que pertencem a vias não caracterizadas de moléculas já conhecidas, revelando que *Streptomyces* sp. MAD39 possui um diverso e inexplorado arsenal metabólico. Análise filogenômica realizada no TYGS revelou um valor de dDDH com a espécie mais próxima, *Streptomyces geysiriensis*, de 57,50%, dDDH menores que 70% são indicativo de possíveis novas espécies (4). Trabalhos complementares com a caracterização bioquímica e filogenética de MAD39 precisam ser realizados para confirmação como espécie nova.

Apoio: Fapeam, CNPq, CAPES e EMBRAPA.

Referências: 1. ALBARANO, L.; ESPOSITO, R.; RUOCCO, N.; COSTANTINI, M. Genome Mining as New Challenge in Natural Products Discovery. *Marine Drugs*, [S.L.], v. 18, n. 4, p. 199, 9 abr. 2020. 2. JING, T.; ZHOU, D.; ZHANG, M.; YUN, T.; QI, D.; WEI, Y.; CHEN, Y.; ZANG, X.; WANG, W.; XIE, J. Newly Isolated *Streptomyces* sp. JBS5-6 as a Potential Biocontrol Agent to Control Banana Fusarium Wilt: Genome Sequencing and Secondary Metabolite Cluster Profiles. *Frontiers in microbiology*, v. 11, p. 3036, 2020. 3. YAO, X.; ZHANG, Z.; HUANG, J.; WEI, S.; SUN, X.; CHEN, Y.; LIU, H.; LI, S. Candididin Isomer Production Is Essential for Biocontrol of Cucumber Rhizoctonia Rot by *Streptomyces albidoflavus* W68. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 87, n. 9, p. 2021. 4. AUCH, Alexander F.; VON JAN, Mathias; KLENK, Hans-Peter; GÖKER, Markus. Digital DNA-DNA hybridization for microbial species delineation by means of genome-to-genome sequence comparison. *Standards In Genomic Sciences*, [S.L.], v. 2, n. 1, p. 117-134, 2010

