

ANÁLISE *in silico* DO POTENCIAL METABÓLICO DE *Streptomyces* sp. APUR 36.1 ISOLADA DE SEDIMENTOS DO RIO PURUS

CIRÍACO¹ Aydra Laini de Souza; SOUSA²⁻⁵, Thiago Fernandes; QUEIROZ²⁻⁴, Cláudia Afras de; YAMAGISHI³, Michel Eduardo Beleza; SILVA², Gilvan Ferreira

¹Instituto Federal do Amazonas – IFAM; ²Embrapa Amazônia Ocidental – CPAA; ³Embrapa informática Agropecuária; ⁴Instituto nacional de Pesquisa da Amazônia – INPA; ⁵Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, Universidade Federal do Amazonas (UFAM)

E-mail: aydraciriaco@gmail.com

Introdução: Gênero *Streptomyces* apresenta genoma linear normalmente de tamanho variando em média de 5 a 12 Mb com conteúdo G+C normalmente > 70% (1). As *Streptomyces* estão entre as bactérias com maior e mais valiosos metabólitos secundários bioativos, muitos dos quais têm importantes aplicações clínicas e agrônômica. Com os avanços nos métodos de sequenciamento de genoma de alto rendimento, várias estratégias de mineração de genoma *in silico* foram desenvolvidas e aplicadas ao mapeamento do genoma de *Streptomyces*. Recentes estudos revelaram que *Streptomyces* possui um número ainda maior de clusters de genes biossintéticos (BGC's) silenciados e não caracterizados do que o estimado anteriormente (2). Em virtude da importância biotecnológica de BGCs para novas moléculas encontrados em espécies de *Streptomyces*, o presente estudo teve como objetivo realizar a mineração genômica e análise filogenética da linhagem APUR 36.1 isolada de sedimentos do Rio Purus. **Material e métodos:** O isolado APUR 36.1 faz parte da coleção de culturas microbianas do Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Amazônia Ocidental – CPAA. A linhagem teve seu DNA extraído e sequenciado com base na plataforma Illumina com *read length* de 2 x 150 bp (*Paired End*) e cobertura de 100X. O genoma montado foi submetido a anotação de cluster gênicos biossintéticos por meio da plataforma antiSMASH Bacterial Version, a predição funcional dos genes do cluster foi realizada por meio das plataformas Pfam e ferramenta BLAST. A identificação da linhagem APUR 36.1 foi realizada por filogenômica por meio da plataforma TYGS (<https://tygs.dsmz.de/>). O acesso ao patrimônio genético foi autorizado pelo SISGEN Nº AB6B14F. **Resultados e discussão:** A análise com base no genoma completo revelou que APUR 36.1 é um representante da espécie *Streptomyces sampsonii* compartilhando 88.3% de dDDH. Quanto a identificação de BGC's a linhagem APUR 36.1 apresenta 60 clusters para produção de metabólitos secundários, destes, quatro apresentam 100% de similaridade com clusters já descritos: albaflavenona, ectoína, desferrioxamina B e geosmina. 26 BGCs não possuíam similaridades com BGCs já caracterizados, 30 possuíam similaridade variando de 3 a 93%. Quanto às classes identificadas, 21 correspondem a peptídeos não ribossomais (NRPS), 15 são policetídeos sintase (PKS), 7 estão relacionados a síntese de terpenos, 5 são híbridos, apresentando NRPS/PKS. Minoritariamente foram identificados clusters para síntese de ectoína (um), sideróforos (três), butirolactona (um), lanthipeptídeos (dois), LAP (um) e lassopeptídeos (quatro). Em conjunto, esses resultados são um indicativo do potencial metabólico deste isolado. E o elevado número de cluster sem nenhuma similaridade nos bancos de dados para BGCs é um indicativo potencial deste isolado para produção de novas moléculas.

Apoio: Fapeam, CNPq, CAPES e Embrapa

Referências: 1- Hopwood, D. A. (2019). Highlights of *Streptomyces* genetics. *Heredity*, 123(1), 23-32.; 2- Lee, N., Hwang, S., Kim, J., Cho, S., Palsson, B., & Cho, B. K. (2020). Mini review: genome mining approaches for the identification of secondary metabolite biosynthetic gene clusters in *Streptomyces*. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 18, 1548-1556.

