

## POTENCIAIS METABÓLITOS SECUNDÁRIOS EM *Streptomyces cavourensis* SOL 153 ISOLADA DE SEDIMENTOS DO RIO SOLIMÕES

CALDAS<sup>1</sup>, Luis Felype Garcia de Sousa; SOUSA<sup>2-5</sup>, Thiago Fernandes; QUEIROZ<sup>2-4</sup>, Cláudia Afras de; YAMAGISHI<sup>3</sup>, Michel Eduardo Beleza; SILVA<sup>2</sup>, Gilvan Ferreira

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

E-mail: [felype\\_caldas@outlook.com](mailto:felype_caldas@outlook.com)

**Introdução:** O gênero *Streptomyces*, pertencente a classe Actinobacteria, que se destaca por ser uma fonte de moléculas bioativas com diversas atividades já reportadas como: anticâncer, antioxidante, anti- Alzheimer e principalmente antimicrobiana de uso clínico e agrícola (1 ; 2). Vários estudos têm demonstrado o potencial deste gênero no desenvolvimento de produtos voltados ao biocontrole e promoção de crescimento de plantas (2;3). Apesar de *Streptomyces spp.* ser amplamente estudado do ponto de vista químico, representantes desse gênero continuam sendo fonte de descoberta de novas moléculas, principalmente com o avanço dos estudos guiados por genoma completo e desbloqueio de vias biossintéticas relacionadas ao metabolismo secundário (4;5). Nesse contexto, o presente estudo tem como objetivo realizar a mineração genômica e identificação filogenômica de uma linhagem de actinobacteria (SOL 153) isolada de sedimentos do rio Solimões visando a caracterização do potencial biossintético e biotecnológico dessa linhagem. **Material e métodos:** A linhagem SOL 153 pertence a coleção biológica 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 NCBI. A identificação da linhagem SOL153 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 identificação da linhagem SOL 153 via digital DNA-DNA hybridization (dDDH) apresentou 74.3% de similaridade com o genoma da espécie *Streptomyces cavourensis* (DSM 41795) e corrobora com os resultados obtidos por filogenômica. Foram identificados 57 clusters gênicos biossintéticos (BGCs) distribuídos em 14 classes distintas de metabólitos secundários, onde a classe relacionada a biossíntese de peptídeos não ribossomais (NRPS) foi a mais abundante com 17 clusters, seguida de policetídeos sintase (PKS) com 11, terpenos 6 e lanthipeptídeos 3. Também foram localizados clusters relacionados à biossíntese de ectoína, sideróforos, melanina, LAP (Linear azol(in)e-containing peptides) e RiPP (Ribosomally synthesised and post-translationally modified peptide) com 2 BGCs cada, e 1 BGC para butyrolactone, betalactona, lassopeptídeo. Além destes, 6 clusters híbridos NRPS/PKS foram identificados. Quanto aos metabólitos relacionados a cada cluster, 24 não apresentam nenhuma similaridade com BGCs depositados em banco de dados, 27 possuem similaridade de 3 a 83% e 6 BGCs apresentaram 100%, indicando que vias de biossíntese para moléculas bioativas como alkyresorcinol estão presentes neste genoma. Moléculas de lipídeos fenólicos com ação antibiótica, ação anticâncer “in vitro” e antioxidante já descrita na literatura.

Apoio: Fapeam, CNPq, CAPES e Embrapa

Referências: OLIVEIRA, J. F.; SILVA, M. L. S.; TEIXEIRA, L. M. C.; SILVA, L. A. O. (2020). Atividade antioxidante e antimicrobiana de *Streptomyces hygrosopicus*. Brazilian Journal of Development, Curitiba, v. 6, n. 8, p. 55097-55106.; AYÓN, C. B. C.; ESQUIVEL, G. L.; VELASCO, C. R.; VIRGEN, O. E.; ARANGURÉ, A. B.; CAMPOS; O. J. C. (2020). Evaluación in vitro de antagonistas contra patógenos de fruto de guanábana (*Annona muricata* L.) en Nayarit, México. Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal, v. 42, n. 2: (e-147).; RIBAS, P. P.; RECH, R.; MATSUMURA, A. T. S.; VAN DER SAND, S. T. (2016). Potencial in vitro para solubilização de fosfato por *Trichoderma spp.* Revista Brasileira de Biociências. Porto Alegre, v. 14, n.2, p. 70-75, abril./jun. 2016.; 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; ZIEMERT, Nadine; WEBER, Tilmann; MEDEMA, Marnix H. (2019). Genome Mining Approaches to Bacterial Natural Product Discovery. Reference Module in Chemistry, Molecular Sciences and Chemical Engineering.

