

# 8º CDMICRO | Evento Presencial



## CONGRESSO SOBRE DIVERSIDADE MICROBIANA DA AMAZÔNIA

DIVERSIDADE MICROBIANA:  
DESAFIOS E OPORTUNIDADES

# ANAIS 2023

24 a 27 de abril de 2023 | UFAM - MANAUS - AM

### Organização



UEA  
UNIVERSIDADE  
DO ESTADO DO  
AMAZONAS



Ministério da Saúde  
FIOCRUZ  
Fundação Oswaldo Cruz  
Instituto Leônidas e Maria Orlan



### Apoio



Secretaria de  
Desenvolvimento  
Econômico, Ciência,  
Tecnologia e Inovação



# Prospecção genômica de quitinases de *Streptomyces* isolados de sedimentos de rios Amazônicos

Charles Araújo Teixeira <sup>1</sup>; Claudia Afras de Queiroz <sup>2</sup>; Thiago Fernandes Sousa <sup>1</sup>; Gilvan Ferreira da Silva <sup>3</sup>

<sup>1</sup>Discente. Universidade Federal do Amazonas. Av. General Rodrigo Octavio Jordão Ramos, 1200 - Coroadó I, Manaus - AM, 69067005; <sup>2</sup>Bolsista de pós-doutorado. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. André Araújo, 2936, Aleixo, Manaus - AM, Cep. 69060-00; <sup>3</sup>Pesquisador. Embrapa Amazônia Ocidental. Rodovia AM 010 Km 29 Estrada Manaus, Itacoatiara - AM, 69010-9

## Resumo

A quitina é o segundo composto orgânico natural mais abundante no planeta, e a degradação desse substrato é de grande interesse biotecnológico por ser possível a partir dele produzir probióticos humanos, curativos facilitadores na agregação de plaquetas, compor sistemas de nanoestruturas carregadores de fármacos, além do papel fundamental no biocontrole. Entre as enzimas comumente relacionadas ao metabolismo de quitina estão as monooxigenases de polissacarídeos líticos (LPMO), com atividade de quitina e as quitinases (EC 3.2.1.14), que são hidrolases glicosídicas (GHs) que de acordo com o banco de dados CAZy ocorrem principalmente nas famílias GH18 e GH19. Entre os microrganismos, as actinobactérias são as principais degradadoras de quitina no solo, e as bactérias gênero *Streptomyces* são as mais estudadas por conta de sua abundância e ampla distribuição. Neste gênero as quitinases mais comuns são as GH18 e GH19. No presente estudo foi realizada a identificação e caracterização de quitinases com base no genoma completo de *Streptomyces* isoladas de rios amazônicos. Para tanto foram utilizadas as ferramentas TYGS, para identificação filogenômica das espécies, a plataforma RAST para anotação e identificação de quitinases com base no genoma completo, InterPro para análise dos domínios, e o software MEGA para alinhamento e análise filogenética. Foram analisados 9 genomas, destes, dois foram identificados como *Streptomyces vinaceusdrappus*, um *Streptomyces griseofuscus*, um *Streptomyces albidoflavus*, e outros cinco pertencem a potenciais novas espécies. Nestes genomas foram identificadas 102 quitinases distribuídas em 8 grupos diferentes: com 5 proteínas no GH5, 7 no GH6, 3 no grupo GH9, 2 no GH12, 58 no GH18, 10 no GH19, 12 proteínas no LPMO, além de 4 proteínas não agrupadas. Estes dados indicam o potencial das linhagens amazônicas do gênero *Streptomyces* como fontes de quitinases e revelam alta distribuição de quitinase do tipo GH18 nos genomas desses isolados.

**Palavras chave:** Actinomicetos; Biocontrole; Fitopatógenos.