

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



Análise genômica e potencial para degradação de hidrocarbonetos de *Burkholderia* sp. CPAA2D

Paula Brena Porto Dias da Costa¹; Queiroz, Claudia Afras de²; Sousa, Thiago Fernandes³; Silva, Gilvan Ferreira⁴

¹Dicente. UNINORTE Centro Universitario do Norte. Av. Joaquim Nabuco, 1232 ;²Bolsista. INPA Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. Av. André Araújo, 2936;³Bolsista. UFAM Universidade Federal do Amazonas. Av. General Rodrigo Octavio Jordão Ramos, 1200 - Coroado I Manaus - AM, 69067-005; ⁴Pesquisador. Embrapa Amazônia Ocidental. Itacoatiara - AM, 69010-97

Resumo

O gênero *Burkholderia* possui distribuição global e pode ser encontrado em diversos nichos ecológicos, principalmente habitando solos e plantas. São bactérias gram negativas que possuem um arsenal metabólico bioativo de grande interesse para a agricultura, saúde e meio ambiente. Muitas linhagens de *Burkholderia* produzem enzimas que são capazes de quebrar cadeias longas de hidrocarbonetos e compostos aromáticos recalcitrantes que são um dos principais poluentes antrópicos de impacto negativo para a biodiversidade. No presente estudo, uma linhagem isolada de lâmina d'água do rio Juruá (CPAA2D) foi submetida ao ensaio de degradação de DCPIP (2,6-diclorofenol-indofenol) para verificar o potencial de metabolização de hidrocarbonetos aromáticos, bem como foi realizado o sequenciamento, identificação filogenômica pela plataforma TYGS, análise do genoma completo por meio de anotação usando RAST, análise genômica comparativa com as linhagens tipo mais próximas usando orthovenn2 e análise do metabolismo secundário usando AntiSMASH. A análise filogenômica revelou que CPAA2D é pertencente à espécie *Burkholderia reimsis* com 85.1% de hibridização digital DNA-DNA (dDDH) e 94.5 de suporte de pseudobootstrap. Nos ensaios de metabolização de hidrocarbonetos aromáticos, *B. reimsis* CPAA2D foi capaz de metabolizar o DCPIP por completo em um período de sete dias a 37°C. Em adição foram anotados operons relacionados a degradação desses compostos contendo os genes *dhB* e *catR* (genes de metabolização de compostos aromáticos funcionalmente caracterizados na literatura). As análises comparativas com as linhagens tipo mais próximas (*B. reimsis* e *B. cepacia*) revelaram 144 genes não compartilhados, nos quais a maioria estão relacionados a elementos transponíveis, genes que codificam transportadores e genes de função desconhecida. Foram anotados 21 BGCs (clusters gênicos biossintéticos) nos quais três puderam ser conectados aos metabólitos piochelina, ornibactina e pirrolnitrina, sendo este último um potente antifúngico. Esses resultados em conjunto mostram que a linhagem CPAA2D pode ser usada para bioremediação de hidrocarbonetos, produção de metabólitos bioativos e também demonstram o potencial intraespecífico para prospecção de genes e enzimas de interesse biotecnológico.

Palavras chave: Biossurfactante; Bioremediação; Degradação de hidrocarbonetos.