

**Título: Sequenciamento e anotação do genoma da estirpe Streptomyces sp. 80**

Autor(es) Liza Machado Borges; Luciano Procópio da Silva\*

E-mail para contato: lucianoprocopio@gmail.com

IES: UNESA / Rio de Janeiro

Palavra(s) Chave(s): streptomyces; genoma; sequenciamento; metabólitos secundários; enzimas hidrolíticas

**RESUMO**

As bactérias passam a vida sendo afetadas por mudanças das condições ambientais. Com isso, graças aos mecanismos evolutivos, as bactérias são capazes de monitorar os fatores ambientais ao seu redor, tais como radiação, temperatura, pH, a atividade osmótica, compostos químicos nocivos, nível de oxigênio, fontes de nutrientes e competição contra outros microrganismos presentes no mesmo ambiente. Para se adaptar e sobreviver a todas essas condições, especialmente a presença competitiva de outras estirpes bacterianas ou fungos, as bactérias têm sistemas de respostas globais que resultam em grandes mudanças em sua expressão gênica e metabolismo celular. Estas respostas podem ser através da síntese de antibióticos e fungicidas, ou através da expressão de enzimas hidrolíticas com ação nas paredes celulares de fungos. Problemas ambientais causados por fungicidas sintéticos têm despertado o interesse na busca de produtos naturais e enzimas como ferramentas alternativas no controle biológico de fungos. Em uma colaboração recente entre os laboratórios de Biotecnologia de Actinomicetos e Biotecnologia Ambiental do Instituto de Microbiologia Geral da Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), foi isolada em ambiente de solo da Mata Atlântica a estirpe *Streptomyces* sp. 80, a qual apresentou uma ação inibitória sobre o crescimento do fungo *Sclerotinia sclerotiorum*. Estudos subsequentes demonstraram que entre os mecanismos utilizados pela estirpe *Streptomyces* sp. 80 destaca-se a produção de enzimas hidrolíticas, quitinases, glucanases e peptidases, as quais apresentaram ação degradativa sobre a parede celular do fungo *S. sclerotium*. Com a intenção de melhor compreender a genética de *Streptomyces* sp. 80 o objetivo deste trabalho é sequenciar o genoma do actinomiceto *Streptomyces* sp. 80 empregando a tecnologia Illumina HiSeq 2000 e realizar a anotação de seu genoma, com atenção especial aos genes envolvidos na síntese de metabólitos secundários e genes codificadores de proteínas hidrolíticas. Após crescimento da estirpe em meio de cultura líquido LB, seu DNA foi obtido empregando o kit MoBio, seguindo as sugestões do fabricante. Após análise da integridade do DNA total através de eletroforese em gel de agarose 0,8%, o DNA foi enviado para sequenciamento no Laboratório de Microbiologia na Universidade de Copenhague-Dinamarca. Como perspectivas futuras, após o sequenciamento e montagem das reads oriunda do sequenciamento em contigs, será realizada anotação automática através de homologias entre sequências disponíveis na internet empregando o pipeline disponível no próprio Laboratório de Microbiologia. Em seguida, será realizada a bioprospecção *in silico* de sequências de genes codificadores de enzimas de interesse biotecnológico.