



# Simposio de Integração Acadêmica

“A Transversalidade da Ciência, Tecnologia e Inovações para o Planeta”  
SIA UFV Virtual 2021



## Identificação e análise de genes envolvidos em utilização de fontes de carbono em *Streptomyces* spp visando o desenvolvimento de meios de cultura alternativos para produção de bioinsumos em sistemas *on farming*

Felipe Bastos de Carvalho<sup>1</sup>; Denise Mara Soares Bazzolli<sup>1</sup>; Giarlã Cunha da Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Molecular de Bactérias, Departamento de Microbiologia/BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa.

felipe.b.carvalho@ufv.br; dbazzolli@ufv.br; giarla.silva@ufv.br

Palavras-chaves: Actinobactérias; promoção de crescimento vegetal; biocontrole; bioativos

### Introdução

O gênero *Streptomyces* possui grande importância biotecnológica pela sua capacidade de produção de metabólitos secundários bioativos, como antibióticos e fármacos. Atualmente, *Streptomyces* tem sido considerada um importante e promissor bioinsumo microbiano, visto as características de crescimento em pH mais básico; produção de enzimas despolimerizantes que estão associadas a fatores de promoção à qualidade do solo e de promoção de crescimento vegetal. A capacidade metabólica de *Streptomyces* é fantástica e por isso, a caracterização de novos isolados provenientes de ambientes diversos é uma estratégia interessante para obtenção de bioinsumos microbianos eficientes não *Bacillus* spp. A mineração de genes que codificam bioativos de interesse em genomas de *Streptomyces* representa uma forma inteligente de planejar meios de cultura baseado em matéria prima renovável e que possa ser usado para propagação de bioinoculantes em sistemas *on farming*.

### Objetivos

Identificar a presença de genes de interesse biotecnológico no genoma de três linhagens de *Streptomyces* spp. a fim de oferecer base para escolhas de matéria-prima para a elaboração de meios de cultura alternativos para o cultivo destas bactérias em grande escala, a partir de resíduos agrícolas.

### Material e Métodos

Genomas usados: *Streptomyces* sp CAB - C 25; *Streptomyces* sp CAB - C 50 e *Streptomyces* sp CAB - S 66. Estas linhagens pertencem à coleção de bactérias rizosféricas de importância agrícola do Laboratório de Genética Molecular de Bactérias - Bioagro - DMB- UFV.

Genes alvos para análise: Alfa amilases, xilanases, lacases, Alfa-L-ramnosidase, quitinase, Lipase, Protease, Celulase, L-glutaminase, L-asparaginase.

A estratégia *in silico* utilizada está descrita na figura 1.



Figura 1: Metodologia *in silico* para identificação de genes de interesse

### Resultados e Discussão

A busca no banco de dados revelou a presença de genes que codificam famílias de enzimas, como quitinases, proteases (Figura 2), dentre outras que confirmam o potencial das linhagens em crescer em meios na qual a base de nutrientes são insumos orgânicos como bagaço de cana, grão de sorgo, palha de milho e trigo, dentre outros. Deste modo, o custo para cultivo e manutenção destas bactérias seria bastante reduzido e possibilitaria sua utilização, trazendo todas as vantagens para o Sistema *on farming* e fortalecendo o Programa Bioinsumos (MAPA, 2020 - Brasil).

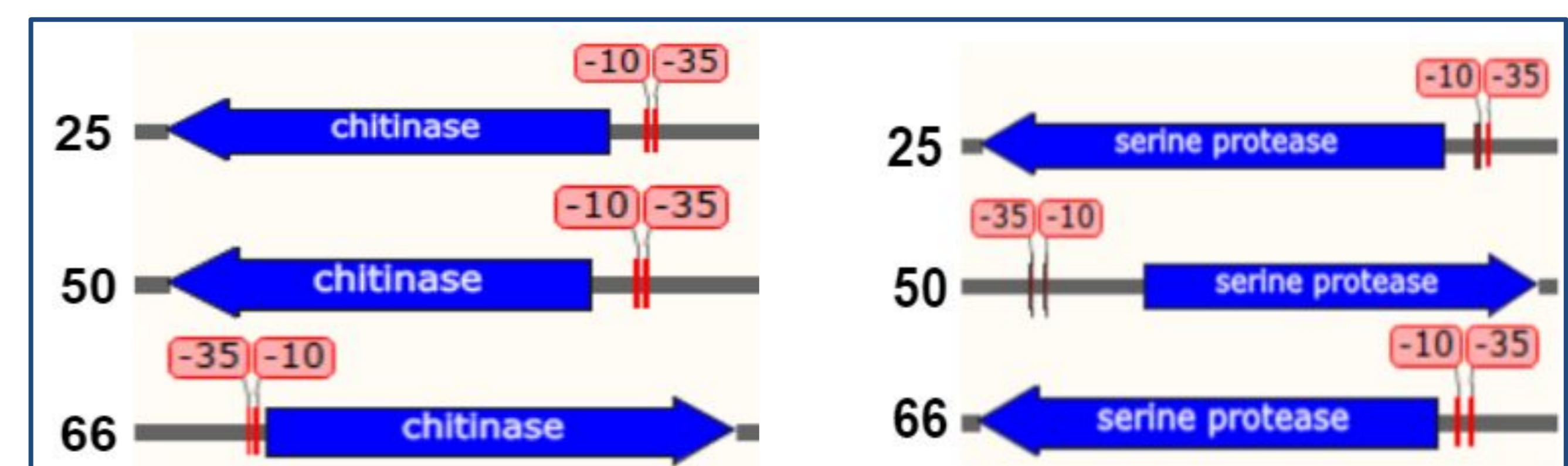
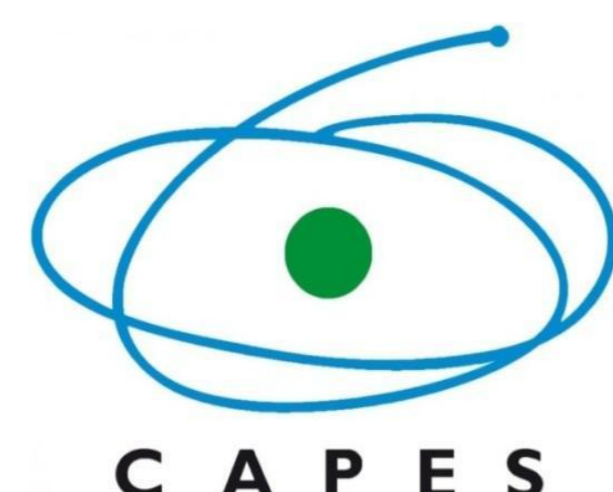


Figura 2: Organização de genes para quitinase e Serina Protease mapeados nos isolados CAB 25, CAB 50 e CAB 66.

### Conclusão

Análises *in silico* de genes que codificam bioativos de importância biotecnológica representa uma previsão da capacidade metabólica de linhagens promissoras e permite elaborar e planejar meios de cultura e condições de crescimento satisfatórios e direciona as análises realizadas em bancada. Neste trabalho a partir das análises realizadas foi possível confirmar o potencial genético de linhagens de *Streptomyces* previamente selecionadas a partir de habilidades em promover o crescimento da bananeira e controlar a doença do Panamá em condições de casa de vegetação.

### Apoio Financeiro



### Agradecimentos

