

Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



ANÁLISE DO GRAU DE CONSERVAÇÃO DE PROTEÍNAS ESTRUTURAIS DE BACTERIÓFAGOS ESPECÍFICOS PARA *STREPTOCOCCUS THERMOPHILUS*

Igor Barbosa Rocha Ribas (igor.ribas@ufv.br); Monique Renon Eller (Orientadora) (monique.eller@ufv.br); Pedro Marcus Pereira Vidigal (pedro.vidigal@ufv.br); Lorena Cornélia Ribeiro (lorena.cornelia@ufv.br); Priscila Gonçalves Ferreira (priscila.goncalves@ufsj.edu.br); Elizabeth Bárbara Epalanga Pires (elizabeth.pires@ufv.br)
Universidade Federal de Viçosa (UFV) - Departamento de Tecnologia de Alimentos

Trabalho de Pesquisa - Ciências Agrárias - Ciência e Tecnologia de alimentos - Fermentação; indústria de laticínios; análise genômica

Introdução

Os produtos lácteos fermentados têm conquistado cada vez mais espaço no mercado brasileiro graças ao aumento na demanda por produtos mais saudáveis (SIQUEIRA E FIGUEIREDO, 2021). A bactéria *Streptococcus thermophilus* é muito utilizada como starter na produção destes fermentados (HOLS et al., 2005). Porém, a ação de bacteriófagos que atacam essas bactérias prejudica o processo produtivo (MAHONY E VAN SINDEREN, 2015) causando lentidão ou falha fermentativa. Assim, estudar formas de combater a ação de bacteriófagos nas culturas starter se mostra necessário para evitar prejuízos relacionados à ação destes vírus. Logo, estudar a estrutura dos fagos para encontrar alvos com potencial antigênico para predição e síntese de moléculas sensoras pode ser uma boa estratégia para desenvolver maneiras de identificar estes vírus no meio de forma rápida e eficiente.

Objetivo

Utilizar um banco de genomas de bacteriófagos de *S. thermophilus* para definir alvos antigênicos por meio da busca por regiões conservadas e com alto grau de hidrofobicidade de proteínas estruturais dos fagos.

Materiais e Métodos

O banco de dados utilizado para esse trabalho foi obtido pela pesquisadora Laís Silva Batalha, na tese: “Diversidade genômica, classificação taxonômica e detecção de fagos que infectam a bactéria láctea *Streptococcus thermophilus*”. Os dados foram obtidos a partir de informações do GenBank/NCBI (BATALHA et al., 2022).



Análise dos dados: Cálculo da média de similaridade de proteínas de cada cluster do genoma core de cada um dos 5 gêneros de fagos estudados: 987, 5093, Moineauvirus, Brussowvirus e P738.



Análise de hidrofobicidade das proteínas estruturais com sequência conservada entre membros de cada gênero: Utilização do software ProtScale, disponível no portal online ExPASy. Ao utilizar a opção “Hydropath/Kyte & Doolittle”, gráficos de hidrofobicidade foram gerados para cada uma (KYTE E DOOLITTLE, 1982).



Gráficos gerados analisados com base nos valores de “Score” atribuídos a cada aminoácido da estrutura - quanto mais negativo é o valor do eixo Y, mais hidrofílica é a região apresentada no eixo X (KYTE E DOOLITTLE, 1982).

Resultados e Discussão

A partir da análise de similaridade das proteínas estruturais dos fagos, organizamos uma lista com várias proteínas, incluindo proteínas do capsídeo, proteínas de cauda, proteínas de conexão entre o capsídeo e a cauda e proteínas de ligação à DNA. O grau de similaridade observado nessa etapa foi alto, com a maioria das proteínas apresentando uma porcentagem de similaridade acima de 95%.

Em seguida, foi feita a análise de hidrofobicidade das proteínas presentes nessa lista. Os gráficos obtidos seguem o modelo apresentado abaixo:

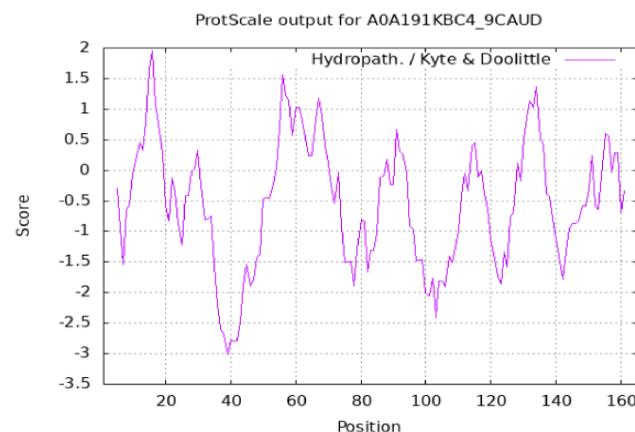


Figura 1 - Gráfico de hidrofobicidade da “Major Tail Protein” do fago 9871, representante do grupo de bacteriófagos 987.

As proteínas de cauda, além de serem de grande importância para o bacteriófago por promoverem a interação dele com seu hospedeiro, apresentaram bom grau de conservação e regiões bem hidrofílicas. Esses resultados mostram que proteínas de cauda possuem grande potencial para estudos de ancoramento, servindo como alvos para possíveis moléculas sensoras a serem sintetizadas.

Conclusões

Graças aos estudos de conservação e hidrofobicidade de proteínas estruturais dos fagos que infectam especificamente *S. thermophilus*, acredita-se que as sequências selecionadas possuem grande potencial para serem utilizadas como moldes para predição de moléculas sensoras - destaque para as proteínas de cauda - visando a rápida identificação desses fagos e a redução das prejuízos causados por eles nas indústrias.

Bibliografia

- Batalha, L.S., Vidigal, P.M.P., Gontijo, M.T.P., Eller, M.R. (2022). Expanding the genomes insight os Streptococcus thermophilus phages through a multifaceted approach. Research, Society and Development, v.11, n.10.
- HOLS, P., HANCY, F., FONTAINE, L., GROSSIORD, B., PROZZI, D., LEBLOND-BOURGET, N., DECARIS, B., BOLOTIN, A., DELORME, C., DUSKO EHRLICH, S., GUÉDON, E., MONNET, V., RENAULT, P., KLEEREBEZEM, M. (2005). New insights in the molecular biology and physiology of *Streptococcus thermophilus* revealed by comparative genomics. FEMS Microbiology Reviews, 29(3), 435-463.
- KYTE, J., & DOOLITTLE, R. F. (1982). A simple method for displaying the hydropathic character of a protein. Journal of molecular biology, 157(1), 105-132.
- MAHONY, J., & VAN SINDEREN, D. (2015). Novel strategies to prevent or exploit phages in fermentations, insights from phage-host interactions. Current Opinion in Biotechnology, 32, 8-13. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2014.09.006>
- SIQUEIRA, K. B., DE FIGUEIREDO, M. N., & DE FIGUEIREDO, M. N. (2021). Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) - A popularização dos leites fermentados no Brasil.

Apoio financeiro / Agradecimentos

