

BIOPROSPECÇÃO *IN SILICO* DE POTENCIAIS SINTETASES DE PEPTÍDEOS NÃO RIBOSSOMIAIS NA REGIÃO DE DOURADOS-MS

Formatado: Espaçamento entre linhas: 1,5 linhas

PRATES, Pâmela Karine Souza¹ (pamelaksp@hotmail.com); **PEREIRA, Rodrigo Matheus**² (rodrigopereira@ufgd.edu.br);

¹ Discente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados;

² Docente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados;

Alguns organismos vivos presentes em diversos ambientes são responsáveis por produzirem vários agentes terapêuticos. Esses compostos são originados através de metabolismos secundários de fungos e bactérias fazendo parte de seus sistemas de defesa. Peptídeos não ribossomais (NRPs) são exemplos desses metabólitos secundários. São formados por diversos substratos inclusive aminoácidos não-proteinogênicos, e possuem um grande potencial biotecnológico com propriedades antibióticas, antivirais, antitumorais, entre outros. A síntese de NRPs é realizada por um complexo multienzimático chamado Sintetases de Peptídeos não Ribossomais (NRPS), que independem de RNA-mensageiro e possuem unidades catalíticas, os módulos. Cada módulo é composto por domínios com funcionalidades específicas, o domínio responsável pela ligação peptídica entre os aminoácidos é o domínio de condensação(C) que por possuir informações sobre as associações do produto que será formado é bastante utilizado em análises de bioinformática para descobertas de novos NRPS. Com o objetivo de avaliar a presença de NRPSs em solo de mata nativa, coletou-se 1 amostras de solo com uma profundidade de 0-10 cm. Tal amostra foi transportada para a UNESP-Jaboticabal onde foi extraído o DNA total com o *kit mobio* e realizado o sequenciamento genético pelo método Illumina. A qualidade do sequenciamento foi verificada pelo programa *FastQC* e após a montagem de sequências (*assembly*), foi realizada a identificação das ORFs com o programa *fraggenescan*, devido a presença de partes de DNA não codificadoras presentes em amostras metagenômicas. Em seguida, 4.230 sequências de DNA metagenômico em formato FASTA foram submetidas ao programa *NaPDos* para detecção e extração de domínios C com base em perfis de HMM (*Hidden Markov Model*). O pHMM foi designado para pesquisa em bancos de dados de NRPS por utilizar uma conversão de alinhamento múltiplo de sequências com um sistema de pontuação baseado em probabilidade para orientar a forma e parâmetros de posições específicas que irão descrever uma sequência padrão dos domínios específicos de NRPS. Foi possível observar entre as 4.230 sequências provenientes do solo de mata nativa a ocorrência de 3 peptídeos não ribossomais: pristinamicina,, antibiótico dependente de cálcio e complestatin. A pristinamicina, é um antibiótico eficaz no tratamento de infecções por bactérias multirresistentes; ao passo que o complestatin é um inibidor da integrase do HIV-1. Essas análises *in silico* com abordagem metagenômica são importantes na descoberta de novos produtos uma vez que microrganismos potencialmente produtores de NRPs estão amplamente distribuídos na natureza. Com tais informações obtidas, será possível, futuramente, manipular a biossíntese desses produtos naturais produzindo assim novos fármacos.

Palavra-chave: Antibiótico, metagenômica, bioinformática.