

IX ENEPEX/ XIII EPEX-UEMS E XVII ENEPE-UFGD

ANÁLISE FILOGENÉTICA DE GENES RELACIONADOS À SÍNTESE DE PHAS EM BACILLUS MEGATERIUM

Ryan Fernandes Vieira De Souza (ryan.souza111@academico.ufgd.edu.br)

Kauanny Wictoria Plenz (kauanny.plenz055@academico.ufgd.edu.br)

Eduardo De Castro Almeida (eduardo.almeida478@academico.ufgd.edu.br)

Rodrigo Matheus Pereira (rodrigopereira@ufgd.edu.br)

Maricy Raquel Lindenbah Bonfá (maricybonfa@ufgd.edu.br)

A classe dos ácidos polihidroalcanóicos (PHAs) é representada por compostos de poliésteres alifáticos armazenados em corpos de inclusão que são sintetizados por diversos gêneros de bactérias. Devido a sua origem de fonte renovável e com capacidade de biodegradação, permitem ser uma alternativa sustentável como substituintes de polímeros não renováveis, além de apresentarem propriedades físico-químicas similares com estes. Os PHAs consistem em ácidos hidroxialcanóicos polimerizados, de cadeias curtas ou médias. Essa biossíntese é mediada principalmente por quatro classes de enzimas, as PHA sintase (poli(R)-hidroxidecanóicos sintase), que são codificadas por genes como phaA, phaC e phaE. O presente estudo tem por objetivo realizar a análise filogenética de genes relacionados com a síntese de PHAs na cepa Bacillus megaterium E1 para auxiliar no trabalho de anotação de sequências genômicas. Para isso uma anotação de ORFs (Open Read Frames) foi realizada. No banco de dados Uniprot, foram baixadas sequências em formato fasta de proteínas resultadas da busca pela palavra-chave “polyhydroxyalkanoate”. O arquivo contendo essas sequências foi então utilizado para formatar um banco de dados BLAST no programa Makeblastdb, que é executado no sistema operacional Linux. Em seguida, as sequências ORFs foram submetidas a uma busca no banco de dados local, utilizando a ferramenta Blastall. Das sequências que retornaram similaridade com um e-value 0.0 e uma identidade 100%, foram realizados alinhamentos nos bancos

IX ENEPEX/ XIII EPEX-UEMS E XVII ENEPE-UFGD

Reference Proteins (refseq_protein) e Non-Redundant Protein Sequence (nr) do NCBI. Aquelas relacionadas com a síntese de PHAs sintases foram selecionadas e alinhadas globalmente com as ORFs utilizando o programa ClustalX 2.1. Com esse alinhamento, foi feita a análise filogenética através da ferramenta MEGA 11. A árvore para a pesquisa heurística foi construída aplicando o método Neighbor-Joining a uma matriz de distâncias emparelhadas estimada usando um modelo de substituição p-distance. A árvore filogenética obtida exibiu dois grupos. O primeiro com um grande grupo contendo 6 sequências sendo 3 ORfs agrupadas com 2 PHA e 1 PhaC, com homologies variando de 63% a 99% de bootstrap. O segundo grupo contendo uma ORF e uma PHAE em uma homologia apoiada por 65% de bootstrap. Esses resultados sugerem que essas sequências estão evolutivamente relacionadas e compartilham de um ancestral comum. Além disso a análise filogenética fornece mais subsídios para realizar a anotação correta das sequências do genoma de *Bacillus megaterium* E1. Nesse sentido, a presença dessas ORFs indica que possivelmente essa cepa carrega informação genética para codificar enzimas capazes de ativar vias metabólicas para a produção de PHAs. Concluindo a análise filogenética construída indicou sequências com elevada homologia auxiliando o trabalho da anotação de sequências genômicas da bactéria isolada em estudo.