



MAPEAMENTO DE GENES DE POLICETÍDEOS SINTASES ATRAVÉS DE SHOTGUN SEQUENCING EM DIFERENTES MICROBIOMAS

ULYSSES AMÂNCIO DE FRIAS¹; EMERSON SOUZA SANTOS²; SÉRGIO AKIRA UYEMURA³; MÔNICA TALLARICO PUPO⁴;

¹ Farmacêutico, estudante de pós-graduação, Universidade de São Paulo, Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto - SP, e-mail: uafrias@fcfrp.usp.br

² Biólogo, Técnico superior, Universidade de São Paulo, Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto – SP, e-mail: Emerson_usp@yahoo.com.br

³ Professor da Universidade de São Paulo, Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto - SP, Departamento de Análises Clínicas, Toxicológicas e Bromatológicas e-mail: suyemura@fcfrp.usp.br

⁴ Professora da Universidade de São Paulo, Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto - SP, Departamento de Ciências Farmacêuticas e-mail: mtpupo@fcfrp.usp.br

Resumo: O solo apresenta complexa comunidade microbiológica com biodiversidade química e genética ainda pouco explorada. Estes micro-organismos são responsáveis pela biossíntese de um grande número de compostos que podem possuir uma útil atividade biológica útil, por exemplo os policetídeos. Os DNAs ambientais foram isolados a partir de amostras coletadas de solos de Cerrado e Mata Atlântica e sequenciados através da plataforma 454/Roche. As *reads* tiveram as *orfs* identificadas pelo FragGeneScan através do modelo oculto de Markov selecionando aquelas que possuíam no mínimo 90% de identidade, sendo anotadas utilizando *qiime-ucrust* e submetidas ao MG-RAST. Os genes relacionados ao domínio cetosintase (KS) foram selecionados a partir da anotação funcional obtidas pelo Subsystems com um e-40 e submetidas a um blastx individual através do DoBISCUIT. Os resultados mostraram que existe notável diferença biossintética entre os genes relacionados à biossíntese de policetídeos em microbiomas coletados em pontos geograficamente próximos.

Palavras-chave: Metagenômica; Policetídeos; Sequenciamento

Suporte: FAPESP, CNPq