



ANOTAÇÃO FUNCIONAL DE SEQUÊNCIAS DE PHAC SINTASE NO GENOMA DA BACTÉRIA PRIESTIA MEGATERIUM

RYAN FERNANDES VIEIRA DE SOUZA

Introdução: Os polihidroxialcanoatos (PHAs) são biopolímeros produzidos por microrganismos e fornecem carbono e energia à célula. Devido às suas características termoplásticas, eles são vistos como excelente alternativa na substituição dos plásticos descartáveis. A PhaC sintase é a enzima responsável pela síntese desses bioprodutos. Dessa forma, a genômica e a bioinformática adentram esse cenário anotando sequências desta enzima em genomas de microrganismos para identificar aqueles com potencial de bioacumulação de PHAs. **Objetivo:** Realizar anotação funcional de sequências de PhaC sintase no genoma da bactéria *Priestia megaterium* cepa E1. **Materiais e métodos:** O genoma da bactéria foi anotado usando as ferramentas eggNOG-mapper e PROKKA. Dentre as anotações retornadas, foram selecionadas aquelas com anotação de “PhaC”. Estas sequências foram alinhadas localmente nos bancos de dados secundários RefSeq_protein (NCBI) e Swiss-Prot (Uniprot). Em seguida, foi criado um arquivo contendo somente sequências anotadas de PhaC sintase, com as mais similares retiradas do banco de dados RefSeq_protein (NCBI). Este arquivo foi submetido a alinhamento múltiplo global pelo Clustal X 2.1 e posteriormente foi feita a análise e construção da árvore filogenética pelo programa MEGA 11. As árvores foram construídas aplicando o método de Neighbor Joining usando o modelo p-distance a 1000 bootstrap de repetição. **Resultados:** O PROKKA retornou um conjunto de 23145 sequências anotadas, dentre elas 7 continham anotações de PhaC sintase. O eggNOG-mapper confirmou as anotações destas 7 sequências. Os alinhamentos locais realizados também confirmaram as anotações feitas pelas ferramentas anteriores. De modo geral, todas as ferramentas demonstraram bons valores de e-value, score e identidade superior a 60%. A árvore filogenética apresentou agrupamentos com bootstrap acima de 58% e enraizamento variando de 59 a 94%. **Conclusão:** Foram anotadas 7 sequências de PhaC sintase no genoma da bactéria *Priestia megaterium* cepa E1. As anotações foram correspondentes nas diferentes ferramentas analisadas. A árvore filogenética demonstrou fortes homologias entre as sequências de PhaC sintase anotadas no genoma da bactéria do presente estudo com aquelas retiradas de bancos de dados secundários. Todos esses indícios forneceram mais confiabilidade ao processo de anotação e corroboram com evidências científicas já feitas na espécie.

Palavras-chave: **GENÔMICA; POLIHIDROXIALCANOATOS; ENZIMAS; BIOINFORMÁTICA; BIOPLÍMEROS**