

## Atividade Unidade 2 - Mineração de Genômas

### WebServer AntiSmash

**Código de Acesso:** CP000667.1

#### Bactéria *Salinispora tropica*

**Região 4 do tipo NRPS-Like do tipo 1 com 90% de similaridade** com **salinosporamida** em um cluster de genes biosintéticos sintetizando NPR e Polyketide através de condensação.

**Região 5 do tipo Guanitinotides da proteína ligase com 100% de similaridade** com ketomemycin B3 biosynthetic em um cluster de genes de Scilo-inosamina-4-fosfato amidinotransferase, Scilo-inosamina-4-fosfato amidinotransferase, Álcool desidrogenase, proteína do domínio de ligação ao zinco, Regulador Transcricional.

**Região 6 do tipo T2PKS com 70% de similaridade** com lomaiviticin em um Polyketide II em um cluster de genes biosintéticos adicionais, biosintéticos centrais, genes de transporte e de regulação, beta-ketoacyl synthase, monooxygenase, FAD-binding, ABC transporter related, regulatory protein, LuxR

**Região 11 do tipo NI-Siderophore com 62% de similaridade** com FW0622 em um Polyketide em um cluster de genes biosintéticos adicionais, biosintéticos centrais, genes de transporte e de regulação, lucA/lucC family protein, asparagine synthase (glutamine-hydrolyzing), ABC transporter related, zinc uptake regulator, Fur family, hypothetical protein

**Região 13 do tipo T1PKS com 100% de similaridade** com sporolide A/ Sporolide B em um NPR+Polyketide: Eneidyne tipo 1 em um cluster de genes biosintéticos adicionais, biosintéticos centrais, genes de transporte e de regulação, beta-ketoacyl synthase, alpha amylase, catalytic region, major facilitator superfamily MFS\_1, transcriptional activator domain

**Região 14 do tipo T1PKS com 100% de similaridade** com salinilactam em um NPR+Polyketide em um cluster de genes biosintéticos adicionais, biosintéticos centrais, genes de transporte e de regulação, beta-ketoacyl synthase, AMP-dependent synthetase and ligase, major facilitator superfamily MFS\_1, regulatory protein, LuxR

**Região 15 do tipo T1PKS com 100% de similaridade** com Lymphostim/Neolymphostinol em um cluster de genes biosintéticos adicionais, biosintéticos centrais, genes de transporte e de regulação, thioester reductase domain, Lantibiotic dehydratase domain protein, ABC transporter related, transcriptional regulator, TetR family

**Região 16 do tipo Butyrolactone com 66% de similaridade** com salinipostim em um cluster de genes biosintéticos adicionais, biosintéticos centrais, hypothetical protein, biosynthetic (rule-based-clusters) butyrolactone: AfsA, biosynthetic-additional (smcogs) SMCOG1083:oxidoreductase,

**Região 17 do tipo T3PKS com 80% de similaridade** com loseolamycin em um cluster de genes biosintéticos adicionais, biosintéticos centrais, genes de transporte e de regulação, chalcone and stilbene synthase domain protein, biosynthetic (rule-based-clusters) T3PKS: Chal\_sti\_synt\_C, aminotransferase, major facilitator superfamily MFS\_1, transcriptional regulator, AsnC family, regulatory (smcogs) SMCOG1120:AsnC family transcriptional regulator

*Salinispora tropica* foi originalmente cultivada a partir de sedimentos marinhos tropicais e descrita como o primeiro gênero obrigatório de actinomicetos marinhos. Logo após a sua descoberta, produziu o potente inibidor do proteassoma salinosporamida A, um produto natural estruturalmente novo que está atualmente em ensaios clínicos de fase III para o tratamento do cancro. *S. tropica* produz muitos outros produtos naturais biologicamente activos, incluindo alguns ligados à defesa química, proporcionando assim um contexto ecológico para a sua produção.