



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ  
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS  
FACULDADE DE BIOTECNOLOGIA  
CURSO DE BACHARELADO EM BIOTECNOLOGIA**

**DAVI JOSUÉ MARCON**

**ANÁLISE GENÔMICA DE BACTÉRIAS POTENCIALMENTE PRODUTORAS  
DE ANTIMICROBIANOS ISOLADAS DO PARQUE ESTAUDAL UTINGA, PARÁ**

**Belém  
2022**



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ  
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS  
FACULDADE DE BIOTECNOLOGIA  
CURSO DE BACHARELADO EM BIOTECNOLOGIA**

**DAVI JOSUÉ MARCON**

**ANÁLISE GENÔMICA DE BACTÉRIAS POTENCIALMENTE PRODUTORAS  
DE ANTIMICROBIANOS ISOLADAS DO PARQUE ESTAUDAL UTINGA, PARÁ**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado  
para obtenção do grau de Bacharel em Biotecnologia.

Orientador: Prof. Dr. Rafael Azevedo Baraúna

**Belém  
2022**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) de acordo com ISBD**  
**Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal do Pará**  
**Gerada automaticamente pelo módulo Ficat, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)**

---

M321a    Marcon, Davi Josué.  
            Análise genômica de bactérias potencialmente produtoras de  
            antimicrobianos isoladas do Parque Estadal Utinga, Pará / Davi  
            Josué Marcon. — 2022.  
            38 f. : il. color.

            Orientador(a): Prof. Dr. Rafael Azevedo Baraúna  
            Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade  
            Federal do Pará, Instituto de Ciências Biológicas, Faculdade de  
            Biotecnologia, Belém, 2022.

            1. Bactérias. 2. Potencial biotecnológico. 3. Gênômica. 4.  
            Predição computacional. I. Título.

CDD 579.135

---

*Este trabalho é dedicado a todos aqueles que,  
de alguma forma abdicaram de algo e/ou a si mesmos  
pela Ciência.*

# AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pela oportunidade de trabalhar com o que amo, além da saúde e proteção em todos os dias que precisei. Eu não poderia pedir por nada além disso.

Pela orientação e angario de financiamento: Rafael Baraúna, Paula Schneider, Arthur Silva.

A equipe do Centro de Genômica e Biologia de Sistemas: Beatriz Lobato, Carolina Miranda, Silvanira Barbosa, Soraya Andrade.

Aos desenvolvedores, usuários e contribuintes dos projetos `abnTeX2`, `LATEX`, `nextflow`, `powershell`, `prokka`, `antismash`, `blast`, `fastq`, `multiqc`, `armfinder`, `ragout`, `busco`, `kraken`, `artemis` e demais projetos associados.

Alexandra Elbakyan e ao(s) fundador(es) da Genesis Library.

Aos meus pais e meus irmãos: Fábio, Silvane, Israel, Giulia e Laura Marcon.

Aos meus *pets*: Bombom, Augusto, Kaiser e Luiza †

Aos meus amigos e colegas: Aline Castro, Amanda Oliveira, Beatriz Campos, Beatriz Moura, Cayo Uchôa, Gabriela Campestrini, Gabrielly Andrade, Giovane Pinheiro, Gustavo Marques, Iago Blanco, Isabel Montoril, Joaquim Neto, José Lucas, Letícia Lago, Mayanne Farias, Mayza Miranda, Naiana Ribeiro, Sávio Costa, Thiago Cordeiro, Tiago Moura, Valéria Silva, Wictoria Dias

A minha namorada: Ana Clara Feitosa.

Colaboradores externos a minha formação: Emilyn Conceição, Abhinav Sharma, Marília Lima, Karla Lima, Alex Souza, Reginaldo Junior, Robert Petit III.

Aos professores: Luciana Xavier, Agenor Valadares, Rommel Jucá, Moysés Miranda, Adriana Folador, Bruno Duarte, Ricardo de Deus e Alejandro Prado.

Pela estrutura: Universidade Federal do Pará, Centro de Genômica e Biologia de Sistemas, ENGBIO.

As fontes de financiamento: CAPES, CNPQ, FAPESPA, UFPA.

Nenhum trabalho é feito sozinho.

Obrigado.

*“A consistência é contrária  
à natureza, contrária à vida.  
As únicas pessoas completamente  
consistentes são os mortos.  
(Aldous Huxley - Do What You Will)*

## RESUMO

Tendo em mente a atual crise no mercado farmacológico devido ao surgimento de microrganismos multiresistentes, faz-se necessária a readequação das metodologias de desenvolvimento de fármacos. A mineração genômica permite prever a capacidade de microrganismos produzirem metabólitos sem a necessidade de testes *in vitro*, encurtando os passos até a descoberta de novos fármacos. A partir do sequenciamento de duas cepas bacterianas (*Rhodococcus sp.* e *Brevibacillus brevis*), foi possível montar seu genomas utilizando o software SPADES, prever os genes nos genomas utilizando a ferramenta PROKKA e prever a produção de Metabólitos secundários usando o ANTI-SMASH. Como principais resultados obtivemos que a cepa de *Rhodococcus sp.*, possui 16 clusters ainda sem a função definida. A amostra *Brevibacillus brevis* apresentou 15 clusters sendo 3 (macrobrevina, tirocidina e gramicidina) com função predita para atividade antimicrobiana. A técnica de mineração genômica, permitiu prospectar informações a respeito da produção de metabólitos, com isso foi possível avaliar o potencial biotecnológico desses organismos com técnicas independentes de cultivo.

**Palavras-chave:** Bactérias; Potencial Biotecnológico; Genômica; Predição computacional.

## ABSTRACT

The current crisis in the pharmacological market due to the emergence of multidrug resistant microorganisms, it is necessary to rethink the methodologies of antibiotics development. Genomic mining makes possible to predict the ability of microorganisms to produce metabolites without the need for *in vitro* tests, shortening the steps for discovery of new drugs. From the sequencing of two bacterial strains (*Rhodococcus sp.* and *Brevibacillus brevis*), we assembled their genomes using SPADES software, predicted the genes in the genomes using the PROKKA and predicted the production of Metabolites secondary using ANTI-SMASH. As main results it was observed that the strain of *Rhodococcus sp.* had presence of 16 clusters without a defined function. The sample *Brevibacillus brevis* showed 15 clusters, 3 (macrobrevin, thyrocidin and gramicidin) with predicted function for antimicrobial activity. The genomic mining technique allowed us to prospect information of metabolites production, it was possible to evaluate the biotechnological potential of these organisms with cultivation independent techniques.

**Keywords:** Bacterias; Biotechnological Potential; Genomic; Computational Prediction.



## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

|   |    |
|---|----|
| Figura 1 – Gráficos representando a qualidade média das leituras da amostra ACT016 na escala PHRED . . . . .  | 22 |
| Figura 2 – Gráficos representando a qualidade média das leituras da amostra FIR_094 na escala PHRED . . . . . | 23 |
| Figura 3 – Gráficos representando a montagem do cromossomo da amostra ACT_016 .                               | 26 |
| Figura 4 – Gráficos representando a montagem do cromossomo da amostra FIR_094 .                               | 27 |
| Figura 5 – <i>Cluster biosintético</i> para produção de petrobactina na amostra FIR_094 . . .                 | 28 |
| Figura 6 – <i>Cluster biosintético</i> para produção de tirocidina na amostra FIR_094 . . . .                 | 28 |
| Figura 7 – <i>Cluster biosintético</i> para produção de gramicidina na amostra 094 . . . . .                  | 28 |
| Figura 8 – <i>Cluster biosintético</i> para produção de macrobrevina na amostra 094 . . . . .                 | 29 |

## LISTA DE TABELAS

|   |    |
|---|----|
| Tabela 1 – Relatório do software QUAST para as montagens da amostra 016 . . . . .         | 23 |
| Tabela 2 – Relatório do software QUAST para as montagens da amostra 094 . . . . .         | 24 |
| Tabela 3 – Informações a respeito dos alinhamentos para predição de <i>ARGs</i> . . . . . | 30 |

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

|      |   |
|------|---|
| BGC  | <i>Biosynthetic Genes Cluster</i> - Cluster de Genes Biossintéticos   |
| AMP  | <i>Antimicrobial Peptides</i> - Peptídeos Antimicrobianos             |
| MIB  | Microrganismos de Interesse Biotecnológico                            |
| NCBI | <i>National Center of Biotechnology Information</i>                   |
| DNA  | <i>Deoxyribonucleic acid</i> - Ácido Desoxirribonucleico              |
| RNA  | <i>Ribonucleic acid</i> - Ácido ribonucleico                          |
| ARG  | <i>Antibiotic Resistance Gene</i> - Gene de resistência a antibiótico |

# SUMÁRIO

|       |   |    |
|-------|---|----|
| 1     | INTRODUÇÃO . . . . .  | 12 |
| 1.1   | Contexto . . . . .  | 12 |
| 1.2   | Justificativa . . . . .   | 12 |
| 2     | OBJETIVOS . . . . .   | 13 |
| 2.1   | Objetivo Geral . . . . .  | 13 |
| 2.2   | Objetivos Específicos . . . . .                                   | 13 |
| 3     | REFERENCIAL TEÓRICO . . . . .                                     | 14 |
| 3.1   | Metabólitos secundários . . . . .                                 | 14 |
| 3.2   | Resistência a antimicrobianos . . . . .                           | 14 |
| 3.3   | Mineração genômica . . . . .                                      | 15 |
| 3.4   | Actinomicetos . . . . .   | 16 |
| 3.4.1 | <i>Rhodococcus</i> . . . . .                                      | 16 |
| 3.5   | <i>Brevibacillus brevis</i> . . . . .                             | 17 |
| 3.6   | Estudo MIB's . . . . .  | 18 |
| 4     | METODOLOGIA . . . . .   | 20 |
| 4.1   | Seleção de amostras . . . . .                                     | 20 |
| 4.2   | Extração de DNA e sequenciamento . . . . .                        | 20 |
| 4.3   | Análise Genômica . . . . .  | 20 |
| 5     | RESULTADOS E DISCUSSÃO . . . . .                                  | 22 |
| 5.1   | Sequenciamento e controle de qualidade das leituras . . . . .     | 22 |
| 5.2   | Predição de espécies e montagem de genoma . . . . .               | 23 |
| 5.3   | Predição de <i>BGCs</i> e resistência a antimicrobianos . . . . . | 27 |
| 6     | CONCLUSÃO . . . . .   | 31 |
|       | REFERÊNCIAS . . . . .   | 32 |

## ANEXOS

37

# 1 INTRODUÇÃO

## 1.1 Contexto

A Organização Mundial de Saúde relata uma crise na saúde pública derivada do crescente número de microrganismos resistentes e representam uma grande ameaça global, que somente pode ser resolvida se todos aqueles envolvidos no controle e na distribuição dos medicamentos antimicrobianos cumprissem com suas responsabilidades e deveres quanto a esse problema (ABADI et al., 2019).

A exploração moderna de genes de vias metabólicas silenciosas em microrganismos através de técnicas do estado da arte em genômica e metabolômica, podem revelar novos tesouros metabólicos para solucionar problemas como a crise dos antibióticos (ZHANG et al., 2021).

Os ambientes amazônicos são um reservatório de biodiversidade muito importantes, a riqueza de espécies e o uso da biotecnologia como ferramenta para a solução de problemas industriais e relacionados a saúde humana e animal, seu patrimônio genético é fonte interessante para o desenvolvimento sustentável baseado no uso de tecnologia de ponta para a formulação de novas tecnologias. micro-organismos do solo amazônico podem ser a fonte de novos fármacos para doenças já conhecidas, a cura para doenças emergentes, biofábricas para novos processos industriais e biorremediadores de impactos ambientais.

## 1.2 Justificativa

Bactérias ambientais são interessantes alvos para a descoberta de compostos de relevância biotecnológica, especialmente como solução para os crescentes níveis de resistência a antimicrobianos encontrados em microrganismos patogênicos. A caracterização genômica e prospecção de genes de interesse desses microrganismos, especialmente do ambiente amazônico, são passos importantes em busca de genes para produção de compostos de potencial farmacológico e industrial.

## **2 OBJETIVOS**

### **2.1 Objetivo Geral**

Identificar agrupamentos de genes biossintéticos em bactérias de filos com potencial biotecnológico isoladas do Parque Estadual Utinga.

### **2.2 Objetivos Específicos**

1. Sequenciar o genoma de dois isolados de interesse;
2. Montar, anotar e predizer os agrupamentos de genes biossintéticos;
3. Avaliar o potencial biotecnológico dos isolados.

## 3 REFERENCIAL TEÓRICO

### 3.1 Metabolitos secundários

O metabolismo celular bacteriano é o conjunto de processos bioquímicos anabólicos e catabólicos no qual as células bacterianas produzem novas substâncias a partir de substrato ou outras substâncias, os produtos dessas reações são conhecidos como metabólitos. Podendo ser classificados como primários ou secundários. Os metabólitos primários são o conjunto de substâncias essenciais para a sobrevivência do organismo, relacionadas a produção de energia e as funções vitais da célula, já os secundários não estão relacionados a sobrevivência da célula, mas sim sua perpetuação no ambiente utilizando estratégias de adaptação a situações adversas (GOKULAN; KHARE; CERNIGLIA, 2014).

A maquinaria responsável pela produção desses compostos, normalmente está relacionada a aglomerados de genes biossintéticos (*Biosynthetic Genes Cluster - BGC*). Esses aglomerados são estruturas gênicas que contêm dois ou mais genes agrupados contendo componentes da via biossintética para a produção de um metabólito, sendo capazes de produzir compostos das seguintes classes: alcaloides, carboidratos, esteroides, lipídeos, peptídeos (com ou sem modificações pós-traducionais), policetídeos e terpenoides (MEDEMA et al., 2015).

Esses metabólitos possuem uma diversa gama de funções, seja como metodologia de "guerra química" com outros microrganismos, mediadores de atividade mutualística entre espécies ou simbiose química (O'BRIEN; WRIGHT, 2011). Apesar de não serem considerados essenciais para a vida desses organismos (DEMAIN; SANCHEZ, 2009) são de grande importância para sua dispersão e adaptação em ambientes hostis e escassos de nutrientes.

É importante ressaltar que a produção de metabólitos de atividade antimicrobiana, está relacionada com a resistência a antimicrobianos, uma vez que, microrganismos produtores de substâncias antimicrobianas precisam resistir a sua ação de forma a evitar o suicídio causado pelas suas próprias substâncias (CUNDLIFFE; DEMAIN, 2010).

### 3.2 Resistência a antimicrobianos

Bactérias possuem diversos mecanismos para proteção contra agentes antimicrobianos como: desativação do fármaco, mutação no sítio de ligação do fármaco, expressão de bombas de efluxo e desvios metabólicos. Esses mecanismos, podem estar associados a elementos genéticos móveis permitindo a transferência entre indivíduos da mesma espécie ou não (MADIGAN et al., 2021, p. 150).

A resistência a antibióticos é uma questão emergente que está associada a mortalidade causada por patógenos bacterianos e sua solução é complexa e permeia a necessidade de políticas

públicas, vigilância e controle do uso de antibióticos, medidas de prevenção e o desenvolvimento de novas opções de tratamento (FRIERI; KUMAR; BOUTIN, 2017). Laxminarayan et al. (2013) descrevem extensamente a emergência da crise global no uso dos antibióticos, demarcando o problema não apenas como o uso inadequado pelos pacientes mas um grande conjunto que perpassa pelo enfraquecimento de sistemas públicos de saúde, demora em diagnósticos e o uso de antibióticos como promotores de crescimento na indústria agropecuária.

Para enfrentar esses problemas se faz necessária a readequação da metodologia de desenvolvimento de fármacos, integrando o estado da arte da metabolômica, biologia sintética, genômica e química farmacêutica. O uso de metodologias que integrem as informações advindas do genoma de bactérias resistentes com a criação de fármacos (BROWN; WRIGHT, 2016).

De acordo com Cook e Wright (2022), ainda há esperança na luta contra a crise dos antibióticos pois campos de estudo como a mineração genômica e biologia sintética aliadas de ferramentas poderosas como a inteligência artificial combinadas com a reformulação de técnicas clássicas do desenvolvimento de fármacos permitirão o desenvolvimento de tratamentos eficientes e diversos contra as patologias bacterianas.

### **3.3 Mineração genômica**

Medema, Rond e Moore (2021) descrevem a mineração genômica como uma forma de iluminar a química altamente especializada da vida, uma ferramenta poderosa para o estudo do funcionamento de extensas maquinarias genéticas para a produção de compostos com diversas funcionalidades. Esses estudo servem como unificadores da ecologia e fisiologia além de servir como matéria prima para o desenvolvimento de produtos biotecnológicos.

O estado da arte na mineração genômica tem criado bancos de dados gigantescos com material descrevendo diversos tipos de genes relacionados a produção de metabólitos de interesse, não apenas fornecendo informações ecológicas e filogenéticas, mas também oportunizando o desenvolvimento de novas ferramentas capazes de auxiliar na descoberta de novos genes (CHEVRETTE et al., 2021).

A mineração genômica como metodologia integrativa da bioinformática com outros campos do conhecimento como a química e a fisiologia microbiana, permite que microrganismos com características fenotípicas interessantes sejam extensamente estudados em todos os âmbitos da expressão e produção de metabólitos. Inclusive predizendo propriedades desses metabólitos, sem depender de níveis de expressão, tempo de crescimento ou da purificação. (BAUMAN et al., 2021; BALTZ, 2021)



### 3.4 Actinomicetos

Actinomicetos são um filo de microorganismos gram-positivos de alto conteúdo guanina e citosina que contém as classes: *Acidimicrobiia*, *Actinobacteria*, *Coriobacteriia*, *Nitriliruptoria*, *Rubrobacteria*, e *Thermoleophilia* (YADAV et al., 2018). Dentre suas principais características podemos ressaltar a presença de micélios e a produção de hifas filamentosas (CHATER, 2016). Sua dispersão ambiental é enorme e já foram isolados de ambientes diversos como: lagos salinos, mar profundo e solo (CLAVO et al., 2021; FELÍCIO et al., 2021; SAPKOTA et al., 2020). Além da simbose com animais, fungos, insetos, líquens e plantas (HEI et al., 2021; MEIJ et al., 2017). A capacidade de se adaptar a diversos ambientes está intimamente relacionada com a capacidade de produzir substâncias bioativas com funções igualmente diversas (BERGEIJK et al., 2020)

Essas bactérias foram uma fonte importante para o desenvolvimento de compostos de funções diversas como: antibactericidas, antifúngicos, antihelmínticos, antitumorais, anticancerígenos, anti-inflamatórios, antivirais, imunossupressores, inseticidas e herbicidas (DEMAIN; SANCHEZ, 2009; JOSE; MAHARSHI; JHA, 2021).

64% dos antibióticos derivados de produtos naturais foram obtidos a partir de actinomicetos filamentosos (especialmente do gênero *Streptomyces*), especialmente durante a era de ouro dos antibióticos (1940-1960) sendo 20 utilizados clinicamente (HUTCHINGS; TRUMAN; WILKINSON, 2019). Segundo Genilloud (2017), continuam sendo uma fonte relevante para o isolamento e caracterização de compostos de interesse biotecnológicos, e com o emprego de metodologias modernas de investigação podem continuar a fornecer substâncias relevantes para mercado.

#### 3.4.1 *Rhodococcus*

O gênero *Rhodococcus* contém actinomicetos de diversidade genômica e fisiológica, contendo alguns membros patogênicos para humanos, animais e plantas. Sua importância biotecnológica é encontrada principalmente por conter algumas cepas com capacidade de degradar compostos orgânicos. Devido seu grande tamanho genômico (8.5-10Mb) esses microrganismos possuem grande diversidade genômica de genes não essenciais, e através de eventos de recombinação, translocação e inserção, são capazes de modificar seus próprios genomas e reservar genes codificantes de vias metabólicas diversas (CAPPELLETTI et al., 2019).

*Rhodococcus* são os microorganismos mais adequados para o desenvolvimento de tecnologias de remediação de ambientes por serem capazes de degradar poluentes persistentes e por terem sido isolados de ambientes contaminados com hidrocarbonetos (inclusive em forma gasosa) (KUYUKINA; IVSHINA, 2019). Sua resistência a intemperes como frio, calor, acidez, salinidade, pode ser explorada para o desenvolvimento de biorremediadores de derramamento de derivados de petróleo.

Além da capacidade de remediação biológica, podemos ressaltar o potencial de produ-

ção de diversas moléculas como: biosurfactantes, biofloculantes, carotenoides, ácidos graxos poli-insaturados, poli-hidroxi-alcalóides e triacil-gliceróis (CAPPELLETTI et al., 2020). Os elementos de estrutura química complexa como os carotenoides e os ácidos graxos poli-Insaturados são de grande interesse industrial pois sua síntese é complexa e custosa, o uso de microorganismos pode facilitar e reduzir os custos nesses processos.

Dentre as possibilidades para o uso biotecnológico de *Rhodococcus* temos o uso como biofábricas para óleo, biocatálise em processos industriais e valorização de rejeitos (ALVAREZ et al., 2021; KRIVORUCHKO; KUYUKINA; IVSHINA, 2019; ANTHONY et al., 2019; CHATTERJEE et al., 2020).

### 3.5 *Brevibacillus brevis*

*Brevibacillus* (anteriormente *Bacillus brevis*) é um gênero com grande potencial para uso como organismo de expressão heteróloga por ter crescimento rápido, baixa produção de proteases extracelulares e boa eficiência de transformação por eletroporação, além disso diversos membros do gênero produzem substâncias com atividades larvicidas e antimicrobianas e tem grande importância agroecológica por sua relação mutualística com plantas promovendo seu crescimento, as protegendo de patógenos e removendo metais pesados do solo (PANDA et al., 2014; RAY; PATEL; AMIN, 2020).

Yao, Zhang e Wu (2020) ressaltam capacidade prolífica de *Brevibacillus* para expressão heteróloga especialmente sua capacidade de produzir moléculas com eficiência ao ser mediada por promotores endógenos com repetição em tandem de peptídeos sinal, sugerindo a importância do uso de estratégias eficazes de otimização do hospedeiro, do vetor, do processo fermentativo e o estudo detalhado dos promotores do gênero através de estudos genômicos para melhoria desse modelo.

Exemplos importantes de metabólitos obtidos de *Brevibacillus* temos os peptídeos antimicrobianos (*Antimicrobial Peptides* - AMP), sendo esses classificados pela sua síntese ribossomal ou não, tendo diversos usos como o biocontrole em plantas, preservantes para alimentos em prateleiras (YANG; YOUSEF, 2018). Além dos AMPS podemos citar a probdigiosina com atividade algicida e compostos ainda não elucidados com grande atividade antiproliferativa (ZHANG et al., 2022; ARUMUGAM et al., 2018). Além dos metabólitos, algumas vias bioquímicas dos *Brevibacillus* são interessantes pela capacidade de degradar Ácido Polilático (plástico biodegradável), a síntese de exopolissacarídeos e a biodegradação de polietileno (YU et al., 2022; YILDIZ et al., 2015; HADAD; GERESH; SIVAN, 2005; ALI; ZAKARYA; KHALED, 2022).

A espécie *Brevibacillus Brevis* contém indivíduos majoritariamente mesofílicos, e sua distinção é baseada em similaridade genômica, sondagem molecular e análises quimiotaxonômicas (RAY; PATEL; AMIN, 2020).

### 3.6 Estudo MIB's

Em 2012 Bérdy (2012) comentou a respeito do declínio no desenvolvimento de novos fármacos, sendo eles resultantes de falhas humanas devido ao uso irresponsável de medicamentos, falhas científicas devido a limitações técnicas e ambientes econômicos de regulação custosos e estritos que limitam o desenvolvimento de novos medicamentos. Após o fim da era de ouro dos antibióticos, um decréscimo dramático foi observado nos níveis de descoberta de novos fármacos, apesar disso, o desenvolvimento nas áreas de espectrometria de massas, metabolômica, genômica e transcriptômica além do baixo custo para o sequenciamento de um genoma são ferramentas importantes para o direcionamento no desenvolvimento de novos compostos derivados de produtos naturais (KATZ; BALTZ, 2016).

O uso de ferramentas computacionais para a mineração de dados e predição de informações a partir de genomas é uma estratégia promissora por ser eficiente econômica e laboriosamente, e podem servir de estratégias guiadoras para o uso de outras ferramentas (ADAMEK et al., 2017). Trivella e Felício (2018) propõe o uso de um tripé para a identificação de novos produtos naturais derivados de bactérias, sendo estes: o uso de mineração genômica, a manipulação de condições de cultivo para eliciação da expressão de genes e a metabolômica baseada em espectrometria de massa. Com essas ferramentas, os autores acreditam que a integração da genômica com técnicas de obtenção e purificação de metabólitos serão as bases para o desenvolvimento de novos produtos farmacológicos pelos próximos anos.

Ramírez-Rendon et al. (2022) ressalta a relevância de bactérias para a descoberta de importantes fármacos e propõe que organismos de fontes não convencionais como cavernas, fontes termais, áreas de alta salinidade, solos áridos, oceanos e mares continuem sendo estudados especialmente com tecnologias como metagenômica e mineração genômica pois podem ter um papel importante no combate de possíveis surtos de doenças como a SARS-COV2 e epidemias causadas por bactérias resistentes.

Em condições laboratoriais, muitos genes relacionados a síntese de compostos bioativos são silenciados, limitando a produção desses metabólitos, sendo necessário o uso de eliciadores para expressão dos genes relacionados a produção desses compostos (RUTLEDGE; CHALLIS, 2015). Felício et al. (2021) propõe uma metodologia de eliciação para expressão, purificação e caracterização desses compostos além de ressaltar que até 45% dos compostos produzidos por microrganismos são metabólitos secundários eliciados.

A incorporação de diversas ferramentas e banco de dados permite uma análise robusta e completa utilizando tecnologias do estado da arte da biologia computacional. Através da ferramenta ANTI-SMASH (MEDEMA et al., 2011) podemos prever *clusters* gênicos relacionados a produção de metabólitos secundários e de síntese ribossomal. Essa tecnologia de mineração *in silico* permite prever redes metabólicas e possíveis promotores da expressão desses compostos, principalmente por utilizar bancos de dados produzidos a partir de outras ferramentas como

BAGEL, NORINE e CLUSEAN (JONG et al., 2010; HEEL et al., 2013; CABOCHE et al., 2007; WEBER et al., 2009).

## 4 METODOLOGIA

### 4.1 Seleção de amostras

Diante da importância biotecnologia dos microrganismos citado anteriormente, para a exploração genômica foram selecionadas duas cepas do parque estadual Utinga - Belém, PA gentilmente disponibilizadas pelo Centro de Genômica e Biologia de Sistemas. Incluindo uma actinobactéria do gênero *Rhodococcus* (ACT\_016) e e uma bactéria do filo *Firmicutes*: *Brevibacillus brevis*(FIR\_094). Essa amostras foram previamente identificadas utilizando sequenciamento do gene de RNA ribossomal 16s utilizando os primers universais 8F: 5'-AGAGTTTGATCATGGCTCAG-3' e 1492R: 5'-CGGTTACCTTGTTACGACTT-3' com o sequenciador ABI Prism 3500 Genetic Analyzer (Applied BioSystems) e alinhamento contra o banco de dados de RNA ribossomal do NCBI utilizando a ferramenta blast.

### 4.2 Extração de DNA e sequenciamento

As amostras foram cultivadas em meio Caldo Triptona de Soja (TSB) por 48 horas á 28 graus, e seu DNA foi extraído utilizando o kit HiPureA Multi-sample DNA Purification Kit(HI-MEDIA) seguindo as orientações do fabricante. O DNA foi quantificado usando quantificador Qubit(Thermo Fisher) e sua integridade foi avaliada por eletroforese em gel de agarose 1% complementado com brometo de etídeo 0.5%. As bibliotecas foram preparadas utilizando o protocolo do fabricante e sequenciadas no equipamento Ion GeneStudio S5 Plus (Thermo Fisher)

### 4.3 Análise Genômica

O pipeline Bactopia (III; READ, ), filtrou as leituras, montou e anotou o genoma automaticamente. Paralelamente, as amostras foram filtradas manualmente utilizando a ferramenta Trimmomatic (BOLGER; LOHSE; USADEL, 2014) utilizando os seguintes parâmetros: "LEADING:3 TRAILING:30 SLIDINGWINDOW:4:15 MINLEN:36"e foram realizadas montagens manuais utilizando o software Shovill ( disponível em <<https://github.com/tseemann/shovill>> ) com os montadores SKESA (SOUVOROV; AGARWALA; LIPMAN, 2018) e SPADES (BANKEVICH et al., 2012) utilizando parâmetros automáticos e kmers específicos (21,33,55,77,99,127). As melhores montagens foram selecionadas após visualização da qualidade no software QUAST (GUREVICH et al., 2013).

Após isso as melhores montagens foram submetidas ao programa KRAKEN (WOOD; LU; LANGMEAD, 2019) para determinar a pureza das montagens e predição de espécies. Posteriormente os genomas foram montados em um único cromossomo utilizando o software RAGOUT (KOLMOGOROV et al., 2014) utilizando genomas de referência próximos a espécie

predita pelo KRAKEN, a pureza das montagens foi verificada utilizando o software BUSCO (SIMÃO et al., 2015).

Finalmente os genomas foram anotados utilizando o software PROKKA (SEEMANN, 2014) , seus genes de resistência a antibióticos foram preditos utilizando o software armfinder e seus clusters de metabólitos secundários foram preditos utilizando a ferramenta ANTISMASH (BLIN et al., 2021).

Foram utilizados os softwares fastqc (ANDREWS, 2019) e Artemis (CARVER et al., 2012) para criação de figuras a partir dos dados gerados.

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

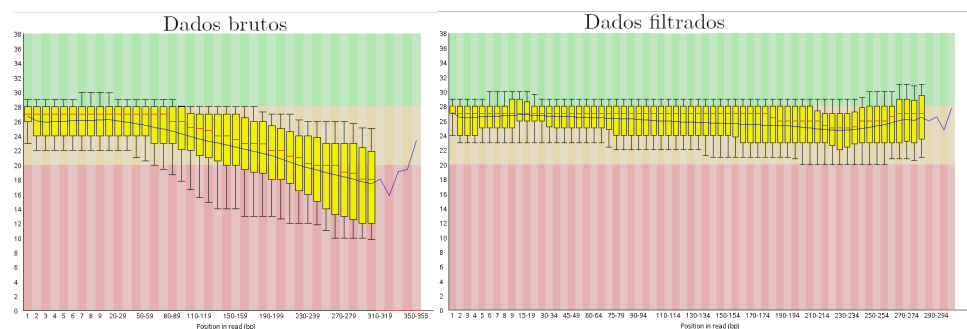
### 5.1 Sequenciamento e controle de qualidade das leituras

Após o sequenciamento das amostras, foram obtidas 7.8 milhões de leituras de tamanho médio de 223 pares de base para a amostra *Rhodococcus* ACT\_016 e 7.4 milhões de leituras com tamanho médio de 222 pares de base para a amostra *Brevibacillus brevis* FIR\_094. Após a filtrar as leituras utilizando a ferramenta Trimmomatic, retivemos 6.2 milhões de leituras com tamanho médio 113 pares de base *perda*21,5% para ACT\_016 e 6.1 milhões de leituras com tamanho médio 145 pares de base *perda*18,5%.

Baseando-se num tamanho de genoma variável de 3 a 10 milhões de bases para *Rhodococcus*, podemos determinar a cobertura real estimada pela fórmula  $C = (L \cdot N)/G$  sendo  $C$  a cobertura,  $L$  o comprimento médio das reads e  $G$  o tamanho do genoma. A partir disso, obtivemos que a cobertura para a amostra ACT016 após filtrar as leituras está entre 70 e 233,53 vezes. Para a amostra FIR\_094, consideramos o tamanho do genoma de referência de *Brevibacillus Brevis*(NZ\_LR134338) de 6.2 milhões de bases e estimamos a cobertura em aproximadamente 142,66 vezes.

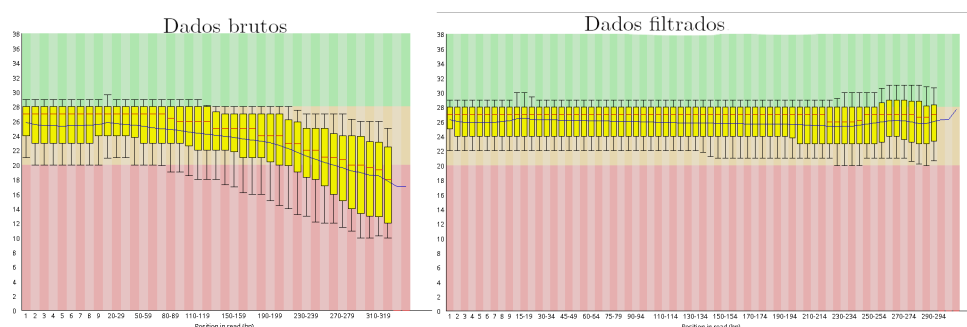
As qualidades médias das sequências pode ser observada a partir dos gráficos a seguir gerados pela ferramenta FASTQC:

**Figura 1 – Gráficos representando a qualidade média das leituras da amostra ACT016 na escala PHRED**



Box plot representando a distribuição da variação média de qualidade das leituras (eixo Y) em relação a posição da base na leitura (eixo X), a linha azul representa a média. As cores verde, amarelo e vermelho representam respectivamente: qualidade excelente ( $>$ ), boa ( $<27$ ;  $\geq 20$ ) e ruim ( $<20$ ).

**Figura 2 – Gráficos representando a qualidade média das leituras da amostra FIR\_094 na escala PHRED**



Fonte: autoria própria

A partir dos gráficos acima podemos observar a perda de qualidade no final das leituras brutas, um tipo de limitação técnica comum ao utilizar sequenciadores da plataforma *Illumina*, porém o término em baixa qualidade pode ser removido após a filtração, tendo uma qualidade média ao longo da sequência próximo de PHRED 26 e removendo sequências abaixo de PHRED 20 ( que representa probabilidade de erro maior que 1 em 100).

## 5.2 Predição de espécies e montagem de genoma

**Tabela 1 – Relatório do software QUAST para as montagens da amostra 016**

| Estatística                          | Nome das montagens |                 |                   |                |
|--------------------------------------|--------------------|-----------------|-------------------|----------------|
|                                      | bactopia+skesa     | bactopia+spades | manual mais kmers | manual+spadess |
| Número de contigs                    | 2893               | 2859            | 267               | 211            |
| Número de contigs ( $\geq 0$ bp)     | 2893               | 2859            | 373               | 314            |
| Número de contigs ( $\geq 1000$ bp)  | 2088               | 2069            | 241               | 189            |
| Número de contigs ( $\geq 5000$ bp)  | 154                | 162             | 185               | 146            |
| Número de contigs ( $\geq 10000$ bp) | 9                  | 9               | 148               | 119            |
| Número de contigs ( $\geq 25000$ bp) | 0                  | 0               | 90                | 80             |
| Número de contigs ( $\geq 50000$ bp) | 0                  | 0               | 31                | 40             |
| Maior contig                         | 12514              | 12514           | 168716            | 222317         |
| Comprimento total                    | 5931701            | 5931691         | 6431423           | 6438566        |
| Comprimento total ( $\geq 0$ bp)     | 5931701            | 5931691         | 6458455           | 6467051        |
| Comprimento total ( $\geq 1000$ bp)  | 5340891            | 5350903         | 6413515           | 6424096        |
| Comprimento total ( $\geq 5000$ bp)  | 1013529            | 1063244         | 6277148           | 6315422        |
| Comprimento total ( $\geq 10000$ bp) | 100586             | 100586          | 5997032           | 6110524        |
| Comprimento total ( $\geq 25000$ bp) | 0                  | 0               | 5023485           | 5423825        |
| Comprimento total ( $\geq 50000$ bp) | 0                  | 0               | 2903777           | 4003427        |
| N50                                  | 2719               | 2758            | 46660             | 84527          |
| N90                                  | 1002               | 1010            | 14230             | 18884          |
| auN                                  | 3216.4             | 3258.2          | 61550             | 78958          |
| L50                                  | 702                | 692             | 38                | 29             |
| L90                                  | 2086               | 2057            | 130               | 97             |
| GC (%)                               | 68.06              | 68.05           | 68.09             | 68.08          |

Fonte: autoria própria



A melhor montagem para a amostra ACT016 é a montagem *manual+spades* que foi feita utilizando o montador spades junto com a correção do software shovill. Essa montagem foi escolhida por ter o maior valor de L50 (menor quantidade de contigs para atingir 50 % do número de pares de base) e maior *contig* em tamanho absoluto (222 mil pares de base). O conteúdo GC de 60 % dessa montagem está de acordo com o descrito por Yadav et al. (2018) para *Actinomicetos*.

**Tabela 2 – Relatório do software QUAST para as montagens da amostra 094**

| Estatística                          | Nome das montagens |                 |                   |                |
|--------------------------------------|--------------------|-----------------|-------------------|----------------|
|                                      | bactopia+skesa     | bactopia+spades | manual mais kmers | manual+spadess |
| Número de contigs ( $\geq 0$ bp)     | 1359               | 1356            | 174               | 145            |
| Número de contigs ( $\geq 1000$ bp)  | 1184               | 1179            | 89                | 86             |
| Número de contigs ( $\geq 5000$ bp)  | 445                | 442             | 77                | 74             |
| Número de contigs ( $\geq 10000$ bp) | 134                | 134             | 72                | 68             |
| Número de contigs ( $\geq 25000$ bp) | 4                  | 5               | 58                | 54             |
| Número de contigs ( $\geq 50000$ bp) | 0                  | 0               | 43                | 40             |
| Maior contig                         | 47444              | 47444           | 426847            | 506270         |
| Comprimento total                    | 6192419            | 6192418         | 6366868           | 6368789        |
| Comprimento total ( $\geq 0$ bp)     | 6192419            | 6192418         | 6385784           | 6381692        |
| Comprimento total ( $\geq 1000$ bp)  | 6061227            | 6059168         | 6360679           | 6362541        |
| Comprimento total ( $\geq 5000$ bp)  | 4118533            | 4120357         | 6335651           | 6338367        |
| Comprimento total ( $\geq 10000$ bp) | 1956669            | 1976108         | 6300503           | 6297106        |
| Comprimento total ( $\geq 25000$ bp) | 132715             | 167349          | 6074220           | 6061343        |
| Comprimento total ( $\geq 50000$ bp) | 0                  | 0               | 5525199           | 5538539        |
| N50                                  | 7064               | 7067            | 140750            | 154727         |
| N90                                  | 2188               | 2176            | 41752             | 41705          |
| auN                                  | 8683.7             | 8819.3          | 155188            | 173136         |
| L50                                  | 272                | 269             | 16                | 14             |
| L90                                  | 871                | 869             | 48                | 45             |
| GC (%)                               | 47.27              | 47.27           | 47.19             | 47.2           |

Fonte: autoria própria

De maneira similar, a melhor montagem para a amostra 094 também é a montagem *manual+spades*. possuindo um valor similar a montagem *manual mais kmers* porém se diferenciando por possuir a maior *contig* com aproximadamente 80 mil pares de base a mais, um fator muito relevante para a posterior montagem do genoma completo. O conteúdo GC também está de acordo com valores comumente encontrados em *Brevibacillus brevis* (NAKAMURA, 1991).

Os melhores conjuntos de *contigs* montadas foram submetidas ao software KRAKEN2 para predição de espécie, para a amostra *Rhodococcus* ACT\_016 a espécie predita foram *Rhodococcus* com 71,66 % de *contigs* identificadas, mas importunamente 18,45 % das *contigs* não foram identificadas, determinando que a amostra *Rhodococcus* ACT\_016 foi predita como *Rhodococcus* não identificado. A partir desse resultado o genoma de referência sugerido para a montagem foi o de código de acesso NZ\_CP054690 da cepa *Rhodococcus* sp. W8901.

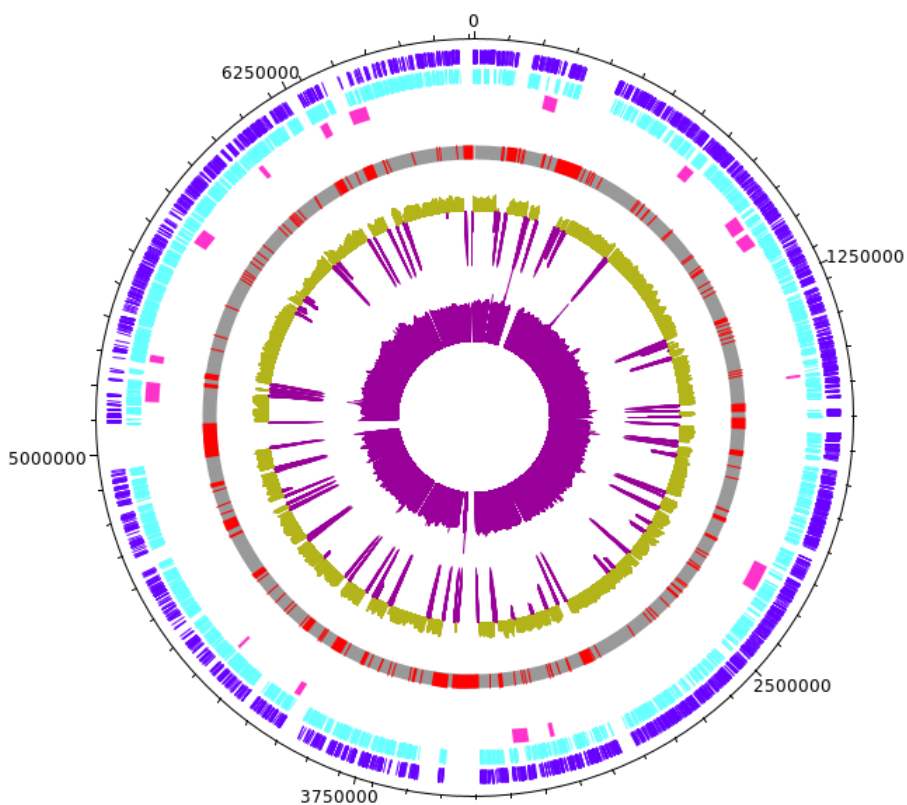
Para a amostra *Brevibacillus brevis* FIR\_094, 85.52 % das *contigs* foram preditas como *Brevibacillus brevis* concordando com os resultados previamente obtidos a partir de sequen-

ciamento de sanger. O genoma NZ\_CP030117 da cepa *DZQ7* referência para montagem de genomas dessa espécie.

As montagens utilizando genomas de referência escolhidos, foram avaliadas quanto a presença de genes ortólogos. Na amostra *Rhodococcus* ACT\_016 foram encontrados 120 BUSCOs completos e únicos, 2 genes completos e duplicados e 2 genes fragmentados, o valor de genes completos únicos de 98% foi considerada satisfatória para a montagem e de pureza suficiente para a anotação do genoma. Já na amostra *Brevibacillus brevis* FIR\_094, 121 BUSCOs completos e únicos foram encontrados, 1 gene completo e duplicado, 1 busco fragmentado e 1 busco faltando, com o percentual de 98,4 % também foi considerada suficiente para prosseguimento da anotação.

o software PROKKA foi capaz de predizer 5738 CDSs para a amostra *Rhodococcus* ACT\_016 e 6082 CDS para a amostra *Brevibacillus brevis* FIR\_094, contendo genes de diversas funções celulares.

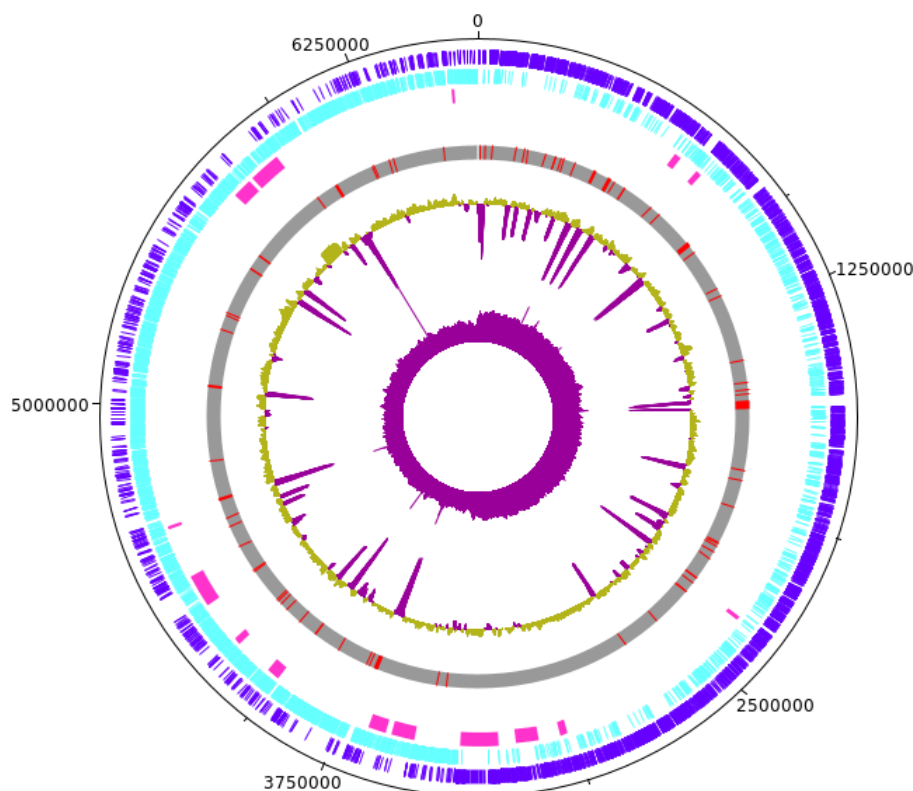
**Figura 3 – Gráficos representando a montagem do cromossomo da amostra ACT\_016**



Genes na direção *forward* (roxo), Genes na direção *reverse* (azul claro), *clusters* gênicos (rosa), qualidade da montagem (em cinza a montagem e em vermelho os *gaps* da montagem) e internamente um gráfico representando a variação de conteúdo G+C (amarelo quando maior que 50% e roxo quando menor) e mais internamente um gráfico representando o valor de G+C

Fonte: autoria própria

**Figura 4 – Gráficos representando a montagem do cromossomo da amostra FIR\_094**



Genes na direção *forward* (roxo), Genes na direção *reverse* (azul claro), *clusters* gênicos (rosa), qualidade da montagem (em cinza a montagem e em vermelho os *gaps* da montagem) e internamente um gráfico representando a variação de conteúdo G+C (amarelo quando maior que 50% e roxo quando menor) e mais internamente um gráfico representando o valor de G+C

Fonte: autoria própria

Através dessa visualização, podemos observar a sobreposição de alguns clusters gênicos com áreas de *gaps* na montagem, o que não desqualifica a predição desses clusters mas pode levar a uma baixa identidade ou ausência de componentes nos clusters como genes acessórios importantes para a síntese. O aprimoramento da montagem se faz necessário para o depósito desses genomas em bancos de dados de montagens. Esse pode ter sido um dos motivos para a baixa identificação dos clusters na amostra 016.

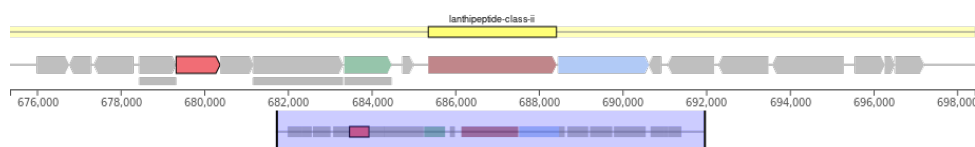
### 5.3 Predição de *BGCs* e resistência a antimicrobianos

Para a amostra 016, o software antismash foi capaz de identificar 16 clusters biossintéticos completos, porém apenas um cluster foi predito com 75% de similaridade para produção de ectoína, um produto biossintético conhecido e produzido por uma ampla gama de bactérias

gram positivas e negativas (STÖVEKEN et al., 2011). Além disso, através da ferramenta arm-finder foi observada a presença de genes codificando uma beta-lactamase de classe A e uma proteína de proteção ribossomal ABC-F. A presença desses genes, pode indicar a resistência desse microrganismo a antibióticos beta-lactâmicos e a macrolídeos.

Já a amostra 094, teve 15 cluster biossintéticos preditos, dentro os quais 4 tiveram sua função identificada por similaridade sendo produtores das seguintes substâncias e identidades percentuais: petrobactina(83%), tyrocidina(81%), gramicidina(91%) e macrobrevina ((100%)).

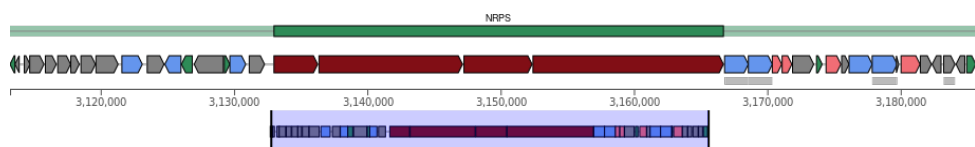
**Figura 5 – Cluster biosintético para produção de petrobactina na amostra FIR\_094**



Fonte: autoria própria

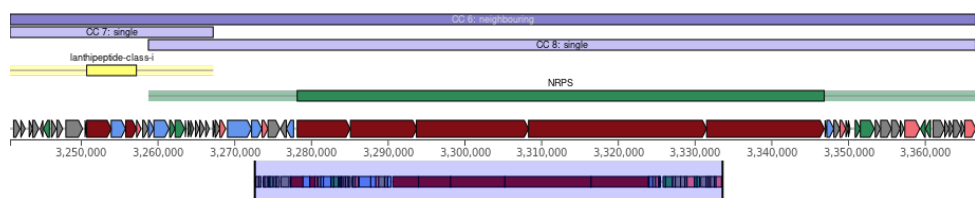
A petrobactina é um sideróforo com protoreatividade capaz de reduzir ferro *III* em ferro *II*(BARBEAU et al., 2002). Interessantemente o cluster presente na amostra *Brevibacillus brevis* FIR\_094 capaz de produzir petrobactina, contém uma proteína de resistência tipo A a vancomicina e teicoplanina.

**Figura 6 – Cluster biosintético para produção de tirocidina na amostra FIR\_094**



Fonte: autoria própria

**Figura 7 – Cluster biosintético para produção de gramicidina na amostra 094**



Fonte: autoria própria

A gramicidina e tirocidina são peptídeos lineares de síntese não ribossomal, com mecanismo de ação através do dano na membrana celular de outros organismos, a tirocidina é relatada como um candidato importante a antibiótico de nova geração por não ter induzido resistência nas células afetadas(YANG; YOUSEF, 2018). A presença de clusters capazes de produzir não

O cluster de produção para macrobrevina foi o único encontrado com 100% de similaridade na amostra *Brevibacillus brevis* FIR\_094, esse antibiótico com estrutura incomum derivado de uma trans-aciltransferase policetídeo sintase foi inicialmente isolado a partir de *Brevibacillus* sp. associados ao microbioma de plantas (HELFRICH et al., 2018).

A amostra 016 apresenta diversos *cluster* e através de métodos computacionais utilizando bancos de dados extensos não fomos capazes de prever a função desses clusters, o que ressalta a importância de estudos de purificação e descrição das estruturas desses compostos.

Diferentemente, a amostra *Brevibacillus brevis* FIR\_094 apresenta 3 clusters identificados como produtores de produtos naturais com atividade antimicrobiana, o que deve ser confirmado através de ensaios elaborados que promovam a expressão desses genes e para sua posterior purificação. Esse microrganismo tem grande potencial para descrição de produtos naturais com atividade antimicrobiana, apesar de serem de classes conhecidas. A elucidação dessas estruturas pode sugerir modificações em antibióticos derivados dessa substância, e também ajudar a complementar informações já existentes a respeito da produção de compostos de interesse biotecnológicos em *Brevibacillus brevis*.

Quanto a presença de genes de resistência a amostra 94 teve a resistência predita para antibióticos como clorofenicol, Kanamicinda, Tobramicina, streptomycin, lincossamida, macrolídeos, streptogramina, macrolídeos e beta-lactâmicos.

Os alinhamentos demonstram a presença de vários genes relacionados a resistência, inclusive a classes inteiras de antibióticos como beta-lactâmicos e macrolídeos, devido ao grande espectro de proteção conferidos por esses genes.

**Tabela 3 – Informações a respeito dos alinhamentos para predição de *ARGs***

| <b>CDS da <i>query</i></b> | <b>Abrev. do Gene</b> | <b>Cobertura (%)</b> | <b>Identidade (%)</b> | <b>Comprimento</b> |
|----------------------------|-----------------------|----------------------|-----------------------|--------------------|
| 004_01565                  | catV                  | 100.00               | 94.52                 | 219                |
| 004_04575                  | ant(4')-Ic            | 100.00               | 93.36                 | 256                |
| 004_02000                  | aac(6')-35            | 100.00               | 92.74                 | 179                |
| 004_02604                  | ant(6)-Ic             | 100.00               | 91.61                 | 286                |
| 004_02904                  | clbC                  | 100.00               | 90.96                 | 343                |
| 004_00361                  | mphJ                  | 99.68                | 88.60                 | 307                |
| 004_01265                  | blaBBI                | 100.00               | 87.83                 | 304                |

**Fonte:** autoria própria

**Informações obtidas a partir dos alinhamentos de sequência realizados pela ferramenta *armfinder***

## 6 CONCLUSÃO

A montagem dos genomas foi suficiente para a sugestão de um *draft*, tendo estatísticas dentro dos parâmetros necessários e conteúdo GC próximo ao da literatura para o depósito com número suficiente de CDSs preditas. Porém para a descrição de um genoma completo sendo ainda é necessário o uso de tecnologias de fechamento de *gaps* e aprimoramento das montagens, uma vez que ambas as montagens contem vários espaçamentos de "NNN" em seus genomas.

Como resultados desse trabalho obtivemos a montagem de 2 novos genomas a fim de depositar no GenBank. Além de ter descrito o potencial biotecnológico da amostra 094 através de ferramentas *in silico*, abrindo espaço para metodologias confirmatórias para estudo detalhado dos metabólitos desse microrganismo.

Os *BCGS* encontrados na cepa de *Brevibacillus brevis* FIR\_94 correspondem a cluster capazes de produzir macrobrevina, petrobactina, tirocidina e gramicidina. A capacidade de prever esse cluster, permite o uso de eliciadores específicos para esse tipo de cluster conforme a metodologia descrita por Felício et al. (2021).

Concluimos que a cepa de *Brevibacillus brevis* possui potencial biotecnológico, apesar de se prever como capaz produzir compostos já conhecidos, seus clusters não são idênticos aos presentes nos bancos de dados e podem conter modificações estruturais interessantes para o desenvolvimento de fármacos baseados nessas modificações, ou o aprimoramento de fármacos já existentes.

A cepa de *Rhodococcus sp.* (16), foi predita com diversos *clusters*, mas sem referências para sua função. Esses dados, apesar de não possuírem impacto biotecnológico direto, são importantes pois através deles, será possível comparar a produção de metabólitos com os genes e através de estudos de expressão heteróloga descrever a função desses clusters e complementar os bancos de dados existentes.

O uso das metodologias *in silico* permitiu a análise detalhada desses organismos, e através desses genomas outras perguntas ainda podem ser respondidas como a presença de ilhas de patogenicidade e genes de virulência além da relação entre esses microrganismos e outros da mesma espécie já descritos anteriormente.

A confirmação da produção de substâncias antimicrobianas será realizada pela equipe do centro de genômica e Biologia de Sistemas para posterior purificação e descrição de sua estrutura.



## REFERÊNCIAS

- ABADI, A. T. B. et al. World health organization report: current crisis of antibiotic resistance. **BioNanoScience**, Springer, v. 9, n. 4, p. 778–788, 2019.
- ADAMEK, M. et al. Mining bacterial genomes for secondary metabolite gene clusters. In: **Antibiotics**. [S.l.]: Springer, 2017. p. 23–47.
- ALI, S. A.; ZAKARYA, S.; KHALED, S. Screening and optimisation of the biodegradation potential for low density polyethylene (ldpe) films by fusarium equiseti and brevibacillus parabrevis. **Biosciences Biotechnology Research Asia**, Biosciences Biotechnology Research Asia, v. 19, n. 1, p. 215, 2022.
- ALVAREZ, H. M. et al. Rhodococcus as biofactories for microbial oil production. **Molecules**, MDPI, v. 26, n. 16, p. 4871, 2021.
- ANDREWS, S. **FastQC: A quality control analysis tool for high throughput sequencing data**. [S.l.]: Github, 2019.
- ANTHONY, W. E. et al. Development of rhodococcus opacus as a chassis for lignin valorization and bioproduction of high-value compounds. **Biotechnology for biofuels**, Springer, v. 12, n. 1, p. 1–14, 2019.
- ARUMUGAM, T. et al. Isolation, structure elucidation and anticancer activity from brevibacillus brevis egs 9 that combats multi drug resistant actinobacteria. **Microbial pathogenesis**, Elsevier, v. 115, p. 146–153, 2018.
- BALTZ, R. H. Genome mining for drug discovery: Progress at the front end. **Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology**, Oxford University Press, v. 48, n. 9-10, p. kuab044, 2021.
- BANKEVICH, A. et al. Spades: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. **Journal of computational biology**, Mary Ann Liebert, Inc. 140 Huguenot Street, 3rd Floor New Rochelle, NY 10801 USA, v. 19, n. 5, p. 455–477, 2012.
- BARBEAU, K. et al. Petrobactin, a photoreactive siderophore produced by the oil-degrading marine bacterium marinobacter hydrocarbonoclasticus. **Journal of the American Chemical Society**, ACS Publications, v. 124, n. 3, p. 378–379, 2002.
- BAUMAN, K. D. et al. Genome mining methods to discover bioactive natural products. **Natural Product Reports**, Royal Society of Chemistry, v. 38, n. 11, p. 2100–2129, 2021.
- BÉRDY, J. Thoughts and facts about antibiotics: where we are now and where we are heading. **The Journal of antibiotics**, Nature Publishing Group, v. 65, n. 8, p. 385–395, 2012.
- BERGEIJK, D. A. van et al. Ecology and genomics of actinobacteria: new concepts for natural product discovery. **Nature Reviews Microbiology**, Nature Publishing Group, v. 18, n. 10, p. 546–558, 2020.
- BLIN, K. et al. antismash 6.0: improving cluster detection and comparison capabilities. **Nucleic Acids Research**, Oxford University Press, v. 49, n. W1, p. W29–W35, 2021.
- BOLGER, A. M.; LOHSE, M.; USADEL, B. Trimmomatic: a flexible trimmer for illumina sequence data. **Bioinformatics**, Oxford University Press, v. 30, n. 15, p. 2114–2120, 2014.

BROWN, E. D.; WRIGHT, G. D. Antibacterial drug discovery in the resistance era. **Nature**, Nature Publishing Group, v. 529, n. 7586, p. 336–343, 2016.

CABOCHE, S. et al. Norine: a database of nonribosomal peptides. **Nucleic acids research**, Oxford University Press, v. 36, n. 1, p. D326–D331, 2007.

CAPPELLETTI, M. et al. Biotechnology of rhodococcus for the production of valuable compounds. **Applied Microbiology and Biotechnology**, Springer, v. 104, n. 20, p. 8567–8594, 2020.

CAPPELLETTI, M. et al. Genomics of rhodococcus. In: **Biology of Rhodococcus**. [S.l.]: Springer, 2019. p. 23–60.

CARVER, T. et al. Artemis: an integrated platform for visualization and analysis of high-throughput sequence-based experimental data. **Bioinformatics**, Oxford University Press, v. 28, n. 4, p. 464–469, 2012.

CHATER, K. F. Recent advances in understanding streptomyces. **F1000Research**, Faculty of 1000 Ltd, v. 5, 2016.

CHATTERJEE, A. et al. Bioconversion of renewable feedstocks by rhodococcus opacus. **Current opinion in biotechnology**, Elsevier, v. 64, p. 10–16, 2020.

CHEVRETTE, M. G. et al. The confluence of big data and evolutionary genome mining for the discovery of natural products. **Natural Product Reports**, Royal Society of Chemistry, 2021.

CLAVO, R. F. et al. Evaluation of antimicrobial and antiproliferative activities of actinobacteria isolated from the saline lagoons of northwestern peru. **PloS one**, Public Library of Science San Francisco, CA USA, v. 16, n. 9, p. e0240946, 2021.

COOK, M. A.; WRIGHT, G. D. The past, present, and future of antibiotics. **Science Translational Medicine**, American Association for the Advancement of Science, v. 14, n. 657, p. eabo7793, 2022.

CUNDLIFFE, E.; DEMAINE, A. L. Avoidance of suicide in antibiotic-producing microbes. **Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology**, Oxford University Press, v. 37, n. 7, p. 643–672, 2010.

DEMAINE, A. L.; SANCHEZ, S. Microbial drug discovery: 80 years of progress. **The Journal of antibiotics**, Nature Publishing Group, v. 62, n. 1, p. 5–16, 2009.

FELÍCIO, R. de et al. Chemical elicitors induce rare bioactive secondary metabolites in deep-sea bacteria under laboratory conditions. **Metabolites**, MDPI, v. 11, n. 2, p. 107, 2021.

FRIERI, M.; KUMAR, K.; BOUTIN, A. Antibiotic resistance. **Journal of infection and public health**, Elsevier, v. 10, n. 4, p. 369–378, 2017.

GENILLOU, O. Actinomycetes: still a source of novel antibiotics. **Natural product reports**, Royal Society of Chemistry, v. 34, n. 10, p. 1203–1232, 2017.

GOKULAN, K.; KHARE, S.; CERNIGLIA, C. Production of secondary metabolites of bacteria. In: BATT, C. A.; TORTORELLO, M. L. (Ed.). **Encyclopedia of Food Microbiology (Second Edition)**. Second edition. Oxford: Academic Press, 2014. p. 561–569. ISBN 978-0-12-384733-1. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780123847300002032>>.

GUREVICH, A. et al. Quast: quality assessment tool for genome assemblies. **Bioinformatics**, Oxford University Press, v. 29, n. 8, p. 1072–1075, 2013.

HADAD, D.; GERESH, S.; SIVAN, A. Biodegradation of polyethylene by the thermophilic bacterium *brevibacillus borstelensis*. **Journal of applied microbiology**, Wiley Online Library, v. 98, n. 5, p. 1093–1100, 2005.

HEEL, A. J. V. et al. Bagel3: automated identification of genes encoding bacteriocins and (non-) bactericidal posttranslationally modified peptides. **Nucleic acids research**, Oxford University Press, v. 41, n. W1, p. W448–W453, 2013.

HEI, Y. et al. Antimicrobial activity and biosynthetic potential of cultivable actinomycetes associated with lichen symbiosis from qinghai-tibet plateau. **Microbiological Research**, Elsevier, v. 244, p. 126652, 2021.

HELFRICH, E. J. et al. Bipartite interactions, antibiotic production and biosynthetic potential of the arabidopsis leaf microbiome. **Nature Microbiology**, Nature Publishing Group, v. 3, n. 8, p. 909–919, 2018.

HUTCHINGS, M. I.; TRUMAN, A. W.; WILKINSON, B. Antibiotics: past, present and future. **Current Opinion in Microbiology**, v. 51, p. 72–80, 2019. ISSN 1369-5274. Antimicrobials. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1369527419300190>>.

III, R. A. P.; READ, T. D. **Bactopia: a Flexible Pipeline for Complete Analysis of Bacterial Genomes**. **mSystems**. **5** (2020). Disponível em: <<https://github.com/bactopia/bactopia>>.

JONG, A. D. et al. Bagel2: mining for bacteriocins in genomic data. **Nucleic Acids Research**, Oxford University Press, v. 38, n. suppl\_2, p. W647–W651, 2010.

JOSE, P. A.; MAHARSHI, A.; JHA, B. Actinobacteria in natural products research: Progress and prospects. **Microbiological Research**, Elsevier, v. 246, p. 126708, 2021.

KATZ, L.; BALTZ, R. H. Natural product discovery: past, present, and future. **Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology**, Oxford University Press, v. 43, n. 2-3, p. 155–176, 2016.

KOLMOGOROV, M. et al. Ragout — a reference-assisted assembly tool for bacterial genomes. **Bioinformatics**, Oxford University Press, v. 30, n. 12, p. i302–i309, 2014.

KRIVORUCHKO, A.; KUYUKINA, M.; IVSHINA, I. Advanced rhodococcus biocatalysts for environmental biotechnologies. **Catalysts**, MDPI, v. 9, n. 3, p. 236, 2019.

KUYUKINA, M. S.; IVSHINA, I. B. Bioremediation of contaminated environments using rhodococcus. In: **Biology of Rhodococcus**. [S.l.]: Springer, 2019. p. 231–270.

LAXMINARAYAN, R. et al. Antibiotic resistance—the need for global solutions. **The Lancet infectious diseases**, Elsevier, v. 13, n. 12, p. 1057–1098, 2013.

MADIGAN, M. et al. **Brock biology of microorganisms**. 16. ed. London, England: Pearson Education, 2021.

MEDEMA, M. H. et al. antismash: rapid identification, annotation and analysis of secondary metabolite biosynthesis gene clusters in bacterial and fungal genome sequences. **Nucleic acids research**, Oxford University Press, v. 39, n. suppl\_2, p. W339–W346, 2011.

- MEDEMA, M. H. et al. Minimum information about a biosynthetic gene cluster. **Nature chemical biology**, Nature Publishing Group, v. 11, n. 9, p. 625–631, 2015.
- MEDEMA, M. H.; ROND, T. de; MOORE, B. S. Mining genomes to illuminate the specialized chemistry of life. **Nature Reviews Genetics**, Nature Publishing Group, v. 22, n. 9, p. 553–571, 2021.
- MEIJ, A. Van der et al. Chemical ecology of antibiotic production by actinomycetes. **FEMS microbiology reviews**, Oxford University Press, v. 41, n. 3, p. 392–416, 2017.
- NAKAMURA, L. *Bacillus brevis* migula 1900 taxonomy: reassociation and base composition of dna. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, Microbiology Society, v. 41, n. 4, p. 510–515, 1991.
- O'BRIEN, J.; WRIGHT, G. D. An ecological perspective of microbial secondary metabolism. **Current Opinion in Biotechnology**, Elsevier, v. 22, n. 4, p. 552–558, 2011.
- PANDA, A. K. et al. *Brevibacillus* as a biological tool: a short review. **Antonie Van Leeuwenhoek**, Springer, v. 105, n. 4, p. 623–639, 2014.
- RAMÍREZ-RENDON, D. et al. Impact of novel microbial secondary metabolites on the pharma industry. **Applied Microbiology and Biotechnology**, Springer, p. 1–24, 2022.
- RAY, S.; PATEL, N.; AMIN, D. *Brevibacillus*. In: **Beneficial Microbes in Agro-Ecology**. [S.l.]: Elsevier, 2020. p. 149–167.
- RUTLEDGE, P. J.; CHALLIS, G. L. Discovery of microbial natural products by activation of silent biosynthetic gene clusters. **Nature reviews microbiology**, Nature Publishing Group, v. 13, n. 8, p. 509–523, 2015.
- SAPKOTA, A. et al. Isolation, characterization, and screening of antimicrobial-producing actinomycetes from soil samples. **International journal of microbiology**, Hindawi, v. 2020, 2020.
- SEEMANN, T. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. **Bioinformatics**, Oxford University Press, v. 30, n. 14, p. 2068–2069, 2014.
- SIMÃO, F. A. et al. Busco: assessing genome assembly and annotation completeness with single-copy orthologs. **Bioinformatics**, Oxford University Press, v. 31, n. 19, p. 3210–3212, 2015.
- SOUVOROV, A.; AGARWALA, R.; LIPMAN, D. J. Skesa: strategic k-mer extension for scrupulous assemblies. **Genome biology**, Springer, v. 19, n. 1, p. 1–13, 2018.
- STÖVEKEN, N. et al. A specialized aspartokinase enhances the biosynthesis of the osmoprotectants ectoine and hydroxyectoine in *pseudomonas stutzeri* a1501. **Journal of bacteriology**, Am Soc Microbiol, v. 193, n. 17, p. 4456–4468, 2011.
- TRIVELLA, D. B.; FELICIO, R. de. The tripod for bacterial natural product discovery: genome mining, silent pathway induction, and mass spectrometry-based molecular networking. **MSystems**, Am Soc Microbiol, v. 3, n. 2, p. e00160–17, 2018.
- WEBER, T. et al. Clusean: a computer-based framework for the automated analysis of bacterial secondary metabolite biosynthetic gene clusters. **Journal of biotechnology**, Elsevier, v. 140, n. 1-2, p. 13–17, 2009.

WOOD, D. E.; LU, J.; LANGMEAD, B. Improved metagenomic analysis with kraken 2. **Genome biology**, Springer, v. 20, n. 1, p. 1–13, 2019.

YADAV, A. N. et al. Actinobacteria from rhizosphere: molecular diversity, distributions, and potential biotechnological applications. In: **New and future developments in microbial biotechnology and bioengineering**. [S.l.]: Elsevier, 2018. p. 13–41.

YANG, X.; YOUSEF, A. E. Antimicrobial peptides produced by *brevibacillus* spp.: structure, classification and bioactivity: a mini review. **World journal of microbiology and biotechnology**, Springer, v. 34, n. 4, p. 1–10, 2018.

YAO, D.; ZHANG, K.; WU, J. Available strategies for improved expression of recombinant proteins in *brevibacillus* expression system: a review. **Critical reviews in biotechnology**, Taylor & Francis, v. 40, n. 7, p. 1044–1058, 2020.

YILDIZ, S. Y. et al. Genomic analysis of *brevibacillus thermoruber* 423 reveals its biotechnological and industrial potential. **Applied microbiology and biotechnology**, Springer, v. 99, n. 5, p. 2277–2289, 2015.

YU, J. et al. Comparison of polylactic acid biodegradation ability of *brevibacillus brevis* and *bacillus amyloliquefaciens* and promotion of PLA biodegradation by soytone. **Biodegradation**, Springer, p. 1–11, 2022.

ZHANG, J. et al. A glossary for chemical approaches towards unlocking the trove of metabolic treasures in actinomycetes. **Molecules**, MDPI, v. 27, n. 1, p. 142, 2021.

ZHANG, Y. et al. Transcriptome analysis reveals the algicidal mechanism of *brevibacillus laterosporus* against *microcystis aeruginosa* through multiple metabolic pathways. **Toxins**, Multidisciplinary Digital Publishing Institute, v. 14, n. 7, p. 492, 2022.

## **Anexos**


## A.1 Resultados importantes durante a graduação

### A.1.1 Artigos em co-autoria



A.1.2 Prêmio conferido pelo Comitê internacional de Microbiologia de alimentos e higiene pela 3<sup>a</sup> melhor apresentação no 30<sup>o</sup> Congresso Brasileiro de Microbiologia

INTERNATIONAL COMMITTEE ON FOOD  
MICROBIOLOGY AND HYGIENE (ICFMH)  
INTERNATIONAL UNION OF MICROBIOLOGICAL SOCIETIES



---

**ICFMH Award Receipt**

1. Name of conference: 30<sup>th</sup> BRAZILIAN CONGRESS OF MICROBIOLOGY

Location (City, country): MACEIO AL, BRAZIL Date of conference: 2019 Oct 6-9

\*2. Received from ICFMH Executive Board representative: (Name, printed) BERNARDETTE DENT-FLAN  
(Signature) [Signature] the sum of 150 EUROS as prize for  
poster ☒ or oral ☐ presentation.

Full name of awardee in capital letters: DAVI MARCON

3. Signature of awardee: [Signature]

Date: 2019 OCT 09 E-mail address: DAVI@MICCONSULTAES.COM.BR

Name of institution: FEDERAL UNIVERSITY OF PARA Country: BRAZIL

4. Permission to upload on ICFMH website (www.icfmh.org):

a. Photograph of winner being presented the award ☒ YES ☐ NO  
Signature [Signature]

b. Abstract and poster ☒ YES ☐ NO  
Signature [Signature]

\*Recipient of this award will comply with tax regulations in his/her country.