



IDENTIFICAÇÃO DE CELULASES NA METAGENOMA DA MICROBIOTA DO SOLO DA MATA NATIVA

SOUZA, Jéssica Patricia¹ (jpatriciasa@outlook.com); **BONFÁ, Maricy Raquel Lindenbah**² (Maricybonfa@ufgd.edu.br); **PEREIRA, Rodrigo Matheus**³ (poetbr@gmail.com).

¹Discente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados;

²Docente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados

³Docente do curso de Biotecnologia da UFGD - Dourados

O solo é um ambiente pouco explorado que possui uma grande diversidade de microrganismos, muitos dos genes presentes codificam enzimas de interesse industrial e biotecnológico, assim como as celulases. As celulases são enzimas que possuem a capacidade de catalisar a hidrólise da celulose produtora de glicose, sendo muito utilizada industrialmente, principalmente na indústria têxtil para o amaciamento e processo de renovação de tecidos e também na indústria de sucos e vinhos, sua utilização facilita o processo de filtração da polpa das frutas. O objetivo geral do presente trabalho busca identificar celulases na microbiota do solo através de programas de bioinformática, os objetivos específicos consistem em identificar e quantificar os genes codificantes de celulases que estejam presentes na metagenoma da microbiota de uma amostra de solo; identificar taxonomicamente a quais microrganismos pertencem os genes responsáveis pelas celulases encontradas. O material genético presente na amostra do solo da Mata Nativa foi disponibilizado pela Embrapa Agropecuária Oeste de Dourados – Ms, após o sequenciamento, a análise foi feita utilizando ferramentas de bioinformática. A qualidade do sequenciamento foi medida utilizando o programa FastQC, assim foi filtrada aquelas de baixa qualidade ou muito curtas através do programa Prinseq-lite. A identificação das regiões codificantes foi realizada através do programa FragGeneScan, que identificou as ORFs (*open reading frames*). Após a identificação das ORFs, o banco de dados da amostra de solo foi formatado, dando início ao alinhamento de sequências que foi realizado utilizando o MEGAN Community Edition. As sequências (*queries*) foram comparadas com banco de dados de celulases criado a partir de dados do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Os resultados mostraram que dentre as 46430 ORFs presentes na amostra de solo da Mata Nativa 30 foram identificadas como Celulases, sendo a mais frequentes a Hypothetical protein, do organismo de classe Nitrososphaera, filo Thaumarchaeota e ordem Nitrososphaera. Contudo a segunda mais frequente foi a T9SS C-terminal target domain-containing da classe Bactéria; do filo Bacteroidetes e ordem Flavobacteriia. Portanto, de todas as celulases presentes na microbiota do solo, com este trabalho foi possível identificar 18 Bactérias e 6 Archeas.

Palavras-chave: celulases, taxonomia, metagenoma