IDENTIFICAÇÃO DE LIPASES NO METAGENOMA DA MICROBIOTA DO SOLO.

Rodrigo Ribeiro De Oliveira (rodrigo.rbiotec@gmail.com)
Rodrigo Matheus Pereira (rodrigopereira@ufgd.edu.br)

As lipases são enzimas presentes em diferentes tipos de organismos, desde fungos e bactérias até plantas e animais. Lipases atuam como digestora de gorduras e lipoproteínas. São comumente usadas na indústria química e farmacêutica devido a sua função de bio-conversão, como hidrólise, interesterificação, esterificação entre outras reações (Kumar et al., 2016). O objetivo principal desse trabalho foi identificar lipases no metagenoma do solo com o auxílio de programas de bioinformática. Cinco amostras de solo sob diferentes manejos e coberturas vegetais, provenientes de fazenda foram usadas para esse estudo. A extração do DNA do metagenoma das amostras de solo e posterior sequenciamento foram realizadas em estudo prévio, assim como as análises de qualidade do sequenciamento e identificação de ORFs. As sequências foram comparadas com banco de dados de lipases criados a partir de informações coletadas do NCBI. O banco de dados local foi criado a partir do banco de proteínas do NCBI e continha todas as sequências que codificam para lipases oriundas de diversos organismos. Para essa comparação o alinhamento de sequências foi feito utilizando o programa blastall. O programa MEGAN 6 foi utilizado para comparar as sequências de lipases presentes em cada amostra. Um gráfico em forma de árvore foi gerado pelo programa para visualização dos organismos de cada uma das cinco amostras de solo que retornaram resultados, além de possibilitar outras análises. Posteriormente o programa STAMP foi utilizado para realizar análises estatísticas e gerar um gráfico de barra de erro estendido comparando os resultados de cada uma das amostras de solo entre elas. Como resultado foi identificado 77.404 sequências de lipases, pertencentes a 2.401 organismos diferentes. Entre todos organismos produtores de lipases detectados os fungos apareceram em maior número. Foi possível verificar a presença dos filos fúngicos Basidiomycota, Mucoromycota, Ascomycota e Streptophyta. A espécie com maior freqüência de ocorrência foi Aspergillus Níger.