



ANÁLISE DA VARIAÇÃO DO GENE PHA SINTASE EM BACTÉRIAS MESOFÍLICAS E HALOFÍLICAS.

Flávia Gottardi Ferreira (fla.gottardi@gmail.com)
Rodrigo Matheus Pereira (rodrigopereira@ufgd.edu.br)
Maricy Raquel Lindenbah Bonfá (maricybonfa@gmail.com)

O plástico (polietileno) é um polímero sintético de baixo custo, muito prático e com rápida descartabilidade. Proveniente do petróleo (polímero petroquímico), esse material resistente a degradação permanece por anos na natureza gerando toneladas de lixo o que é uma grande preocupação ambiental. Há uma diversidade de bactérias que possuem genes responsáveis por codificar proteínas que sintetizam polímeros biodegradáveis como forma de reserva intracelular em situações de excesso de fonte de carbono e falta de um ou mais nutrientes essenciais. Os biopolímeros sintetizados têm características muito semelhantes aos do polietileno e por esse motivo são alternativas ao uso do plástico convencional. Este trabalho buscou analisar a variação do gene envolvido na produção de PHA sintase (PhaC) através da construção e estudo de árvores filogenéticas de bactérias recuperadas do banco de dados da NCBI em ambiente salino e do solo, visto que a maioria dos estudos realizados com a produção de biopolímeros são de microrganismos halofílicos isolados de ambientes salinos ou marinhos. Do ponto de vista industrial, utilizar microrganismos mesófilos facilita o cultivo em escala industrial, por isso, foi realizada a busca deste gene PhaC em bactérias isoladas de ambos os ambientes. Para tanto, utilizou-se ferramentas de bioinformática como BioEdit, alinhamento Muscle e Mega X. Na árvore formada por bactérias do solo, os braços de ramificação são curtos e bem semelhantes. As disposições dos nós mostram uma divisão em dois grupos, o primeiro composto por *Legionella pneumophila*, *Rhizobium leguminosarum*, *Brevundimonas diminuta*, *Cupriavidus necator* e *Bordetella pertussis* divergem com as do gênero *Stenotrophomonas* sp. e a bactéria *Bacillus cytotoxicus*, *Candidatus Nitrosocosmicus franklandus* e *Xanthomonas oryzae*. O mesmo acontece na árvore de ambiente salino, há uma similaridade entre o gênero *Haloarcula* sp., *Halomicrobium mukohataei*, *Halapricum salinum*, *Halorhabdus tiamatea*, *Haloferax mediterranei* que são diferentes do segundo grupo: *Natronococcus occultus*, *Halopiger xanaduensis*, *Natronorubrum bangense* e *Natrinema pallidum*. Conclui-se que, tanto as bactérias do solo quanto as de ambiente salino apresentam variação no gene PhaC, sendo estas compostas por pequenas modificações ao analisar a sequência de nucleotídeos, ou seja, os caracteres que forneceram as informações para construção da árvore. A maneira conservativa que o gene evolui faz com que as espécies sejam proximamente relacionadas.

Agradecimentos: UFGD