

ANÁLISE METAGENÔMICA DE α -GALACTOSIDASE NO SOLO DE MATA NATIVA

Jéssica Patricia de Sá Souza^{1*}, Gabriel Issao Decian Miyashita¹, Maricy Raquel

Lindenbah Bonfá¹, Rodrigo Matheus Pereira¹

1. UFGD;

* Autor para contato: jpsasouza56@gmail.com

A α -galactosidase é uma enzima glicosídeo hidrolase que está presente em muitos vegetais e possui uma ampla aplicação biotecnológica, o presente estudo buscou identificar e quantificar os genes codificantes de α -galactosidase que estavam presentes no metagenoma da microbiota do solo de mata nativa, além de identificar taxonomicamente a quais microrganismos pertencem os genes responsáveis pelas α -galactosidas encontradas. Foi utilizada a técnica de metagenômica por shotgun, onde a primeira etapa foi receber o material disponibilizado pela Embrapa Agropecuária Oeste de Dourados – MS, posteriormente ferramentas da bioinformática foram aplicadas, na qualidade do sequenciamento utilizou-se os programas FastQC e Prinseq-lite, por meio do programa FragGeneScan obteve-se a identificação das regiões codificantes, já o alinhamento da sequência foi realizado pelo Blastall e análises taxonômicas pelo programa MEGAN6. A amostra de solo de mata nativa portava um total de 46,430 ORFs, onde 11,184 foram relativas a enzima α -galactosidase. Através das análises taxonômicas foi possível observar filos e gêneros com sequências relativas a enzima de estudo, sendo eles os filos Actinobacteria, Ascomycota e Firmicutes e os generos Talaromyces, Thermus, Streptomyces.

Palavras-chave: Ecologia microbiana, enzimas, bioinformática