

ANÁLISE METAGENÔMICA DE L-ASPARAGINASE DE UMA AMOSTRA DE SOLO DE DOURADOS-MS.

Mateus Barbosa Guimarães¹, Gabriel Issao Decian Miyashita¹, Jéssica Patricia de Sá Souza¹, Rodrigo Ribeiro de Oliveira¹, Maricy Raquel Lindenbah Bonfá¹, Rodrigo Matheus Pereira^{1*}.

1. UFGD;

* Autor para contato: rodrigopereira@ufgd.edu.br

A enzima L-asparaginase é uma enzima com a capacidade de hidrolisar o aminoácido L-asparagina em ácido aspártico mais amônia. Ela possui relevantes aplicações, representando um importante quimioterápico amplamente na oncopediatria para o tratamento de leucemia linfoblástica aguda (LLA), além de também ser utilizada na indústria alimentícia no tratamento de alimentos para evitar a formação de acrilamida. A metagenômica é uma técnica que se baseia no sequenciamento total do material genético presente em uma amostra e representa uma forma de prospecção de novas moléculas bioativas sem a necessidade de cultivo do microrganismo em laboratório. O trabalho teve como objetivo a utilização da metagenômica para verificar o perfil da microbiota produtora da enzima L-asparaginase em amostra de solo de mata nativa. O dna da microbiota nas amostras de solo coletadas foi sequenciado através de tecnologia sequenciamento de nova geração Illumina, utilizando o método de shotgun. Os dados foram pré tratados e as ORF`s comparadas através do software Blastall com um banco de dados de L-asparaginase previamente configurado com sequências obtidas no Identical Protein Groups do NCBI. O output do alinhamento local foi importado no software Megan Community Edition para a realização das curvas de rarefação e cladograma a nível de filo e gênero. Os resultados retornaram um total de 12 filos produtores da enzima, sendo 7 pertencentes a bactérias, 4 a eucariotos e 1 a archaea. Em relação aos gêneros, foram obtidos um total de 36, sendo 27 pertencentes as bactérias, 1 a archaea e 8 a eucariotos. Todos os microrganismos possuem sequências da enzima L-asparaginase depositadas em banco de dados. Além disso, os filos *Proteobacteria*, *Firmicutes*, *Bacterioidetes*, *Actinobacteria*, *Verrucomicrobiota* e *Cyanobacteria* já foram

reportados como produtores da enzima na literatura. Algumas das espécies presentes não haviam sido reportadas em amostras de solo. Conclui-se que o solo de mata nativa possui uma grande variedade de microrganismos produtores da enzima L-asparaginase.

Palavras-chave: Bioinformática, Biotecnologia, Enzimas