

## DETECÇÃO DE GENES DE SÍNTESE DE BIOPOLÍMEROS POR BACTÉRIAS ISOLADAS EM BONITO-MS.

Sthephanye Katherine Ferreira Gomes<sup>1\*</sup>, Thais Stefany Martinez Ferreira<sup>1</sup>, Rodrigo  
Matheus Pereira<sup>1</sup>, Maricy Raquel Lindenbah Bonfá<sup>1</sup>.

1. UFGD;

\* Autor para contato: [sthephanyekatherine@gmail.com](mailto:sthephanyekatherine@gmail.com)

Atualmente, um grande problema da humanidade é a abundância de lixo não biodegradável gerada diariamente. Neste contexto, um dos principais resíduos produzidos é o plástico, que leva centenas de anos para ser degradado. Por isso, plásticos biodegradáveis de fontes renováveis são um ótimo substituto aos plásticos de origem fóssil. Um dos processos de obtenção destes bioprodutos é via microrganismos produtores de biopolímeros, conhecidos como polihidroxialcanoatos. Esses biopolímeros são produzidos quando o microrganismo possui o gene *phaC*, responsável pela síntese de enzimas que polimerizam os lipídios produzidos quando o microrganismo está em um meio com excesso de fonte de carbono e ausência de algum nutriente essencial. O objetivo do presente trabalho foi compilar e analisar dados acerca de diferentes microrganismos produtores de polihidroxialcanoatos portadores do gene *phaC*, a fim de identificar padrões ou semelhanças e direcionar o trabalho em bancada do grupo de pesquisa. A partir de uma busca realizada na base de dados Scopus por artigos contendo os termos *phaC* e *gene*. Artigos desde 2012 até fevereiro de 2021 foram analisados para buscar os que mencionaram a presença do gene *phaC* ou enzima correspondente em diferentes microrganismos produtores de biopolímeros, excluindo artigos que tratassem de organismos geneticamente modificados, além dos que não tivessem o gene *phaC* registrado no NCBI. A partir deste levantamento, a ferramenta de busca de genes do NCBI foi utilizada e foram encontradas 79 sequências de diferentes cepas de microrganismos, os dados foram então compilados em uma tabela com informações a respeito de cada microrganismo: i) código da sequência no NCBI; ii) nome científico; iii) tipo de microrganismo; iv) tipo de parede celular; v) região de isolamento; e vi) tipo de ambiente comumente encontrado. A partir dos dados avaliados

foi possível compilar as seguintes informações: i) 77,2% dos microrganismos são bactérias, 12,7% cianobactérias e 10,1% arqueias; ii) dentre as bactérias, o tipo mais frequente de parede celular foi Gram negativa (72,1%); iii) com relação aos ambientes em que esses microrganismos já foram isolados encontrou-se solo (44,3%), água doce (32,9%), salino (26,6%), marinho (17,7%), extremo hipersalino (11,4%), efluentes (7,6%), associados a plantas (2,5%), e nos ambientes extremos termófilo e alcalino (1,3% em cada um); e iv) mais de 50% dos microrganismos encontrados pertencem aos gêneros (*Bacillus*, *Halomonas*, *Synechocystis* e *Pseudomonas*). Desta forma, foi possível concluir que solo e água doce são os ambientes em que mais encontram-se pesquisas com microrganismos produtores de PHA portadores do gene *phaC*, embora outros tipos de ambientes também tenham demonstrado bastante potencial, o que não só corrobora com resultados de trabalhos anteriores do grupo de pesquisa, como traz uma nova perspectiva em relação a microrganismos presentes em ambientes extremos. Também foi observada uma predominância de bactérias Gram negativas nos ambientes Salino e Marinho.

**Palavras-chave:** Polihidroxicanoatos, genes, *phaC*.

**Agradecimentos:** CNPq e UFGD.