

IDENTIFICAÇÃO *IN SILICO* DE ALFA-AMILASE DO DNA METAGENÔMICO DE UMA AMOSTRA DE SOLO.

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

1. UFGD;

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

As alfa-amilases são enzimas que catalisam a hidrólise das ligações α -1,4-glicosídicas internas do amido, convertendo o amido em produto de baixo peso molecular, como unidade de glicose, maltose e maltotriose essas enzimas se destacam no ramo industrial e são as enzimas industriais mais importante ocupando cerca de 25% do mercado mundial de enzimas de enzimas. Possui uma ampla gama de aplicações como na liquefação de amido, indústria cervejeira, produtos farmacêuticos. A alfa-amilase pode ser produzida por micro e macroorganismo sendo derivadas de vários fungos, leveduras e bactérias, no entanto, principalmente enzimas de fungos e bactérias são usados em setores industriais. O presente trabalho teve como objetivo analisar no metagenoma do solo microrganismos que possuem no DNA instruções para a produção da enzima alfa-amilase em uma amostra do solo que foi coletada de uma área de pastagem contínua na região de Mato Grosso do Sul através da bioinformática. A amostra de solo foi disponibilizada pela Embrapa Agropecuária do Oeste de Dourados MS que foi previamente sequenciado em trabalho anterior foi usada para verificar a presença da enzima alfa-amilase no DNA da microbiota da amostra de solo. As sequências de alfa-amilase para comparação foram obtidas através de um banco de dados no NCBI. As sequências da amostra de solo foram comparadas com o banco de dados de alfa-amilase através do programa Blastall, assim foi possível obter informações sobre os microrganismos que produzem a alfa-amilase. Os dados obtidos foram comparados no programa MEGAN onde foi possível observar as informações através de gráficos em forma de árvores e realizar leituras taxonômicas. Foram identificados 319 sequências de DNA pertencentes a 130 organismos diferentes, sendo o domínio bactéria que apresentou a maior quantidade de microrganismos que produzem a alfa-amilase. Foi

possível diferenciá-los quanto a seus domínios, filos, classe, ordem, família, gênero e espécie. O domínio bactéria foi o que apresentou o maior número de organismos sendo nos filos Proteobacteria e Terrabacteria group os maiores produtores de alfa-amilase, já os gêneros que ocorrem a maior frequência foram o Bradyrhizobiaceae e Anaerocolumna.

Palavras-chave: Enzimas, Ecologia Microbiana, Bioinformática

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq); Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).