

FILOGENIA DE ARCHAEAS PRODUTORAS DA ENZIMA PROTEASE ALCALINA

Vivian Suguimoto (vivian.suguimoto066@academico.ufgd.edu.br)

Diana Liz Jimenez Rolão (diana.rolao069@academico.ufgd.edu.br)

Maricy Raquel Lindenbah Bonfá (maricybonfa@ufgd.edu.br)

Rodrigo Matheus Pereira (rodrigopereira@ufgd.edu.br)

As espécies de Archaea formam uma porção abundante da biomassa microbiana na terra e desempenham papéis importantes nos ciclos biogeoquímicos. O filo Thaumarchaeota faz parte do domínio Archaea que inclui organismos oxidantes de amônia do solo, águas marinhas e fontes termais. Esses organismos realizam a primeira etapa da nitrificação, ou seja, oxidam a amônia a nitrito aerobicamente desempenhando um papel importante nos ciclos biogeoquímicos pois a atividade das espécies de Archaea oxidante de amônia (AOA) levam à perda do nitrogênio do solo, de poluição de fontes de água e de emissões elevadas de gases do efeito estufa, além de serem produtoras da enzima protease alcalina que representa a maior parte do mercado de enzimas em todo o mundo. Tendo aplicações em vários setores industriais dando destaque para a indústria de couro e detergentes. Neste contexto o objetivo foi de verificar se existem espécies de Archaea produtoras da enzima protease alcalina na amostra do solo analisado e realizar análises filogenéticas para uma classificação taxonômica mais precisa. A amostra de solo da mata nativa foi obtida da Embrapa Agropecuária Oeste de Dourados - MS. Esta foi comparada com banco de dados da enzima protease alcalina, construído localmente a partir do banco “Identical Protein Group” do NCBI. Em seguida a busca de similaridade local entre as sequências foi realizada pelo blastp. Os arquivos resultantes da comparação do Blast foram inseridos no software Megan6 onde podem ser detectadas as sequências de DNA das espécies de Archaeas produtoras da enzima protease alcalina. Foi realizado um segundo blast contra o banco de dados contendo sequências de referência do NCBI, com as sequências extraídas do Megan6, onde foi realizado o download das três sequências alinhadas mais similares. Essas sequências foram abertas no programa Bioedit para convertê-las para o formato Fasta. Foi realizado o alinhamento múltiplo global usando a opção muscle pelo software MEGA. Posteriormente a construção da árvore filogenética foi realizada pelo teste de Neighbor joining. Através desse trabalho foi possível verificar a presença de três representantes de Archaea na amostra de solo analisada, e a análise filogenética confirmou que elas pertenciam ao filo Thaumarchaeota, sendo que uma delas pertence também ao gênero Nitrososphaera.