

BIOPROSPECÇÃO IN SÍLICO DE MICRORGANISMOS PRODUTORES DE BETA-AMILASE EM DUAS AMOSTRAS DE SOLO

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

Vivian Alessandra Sumiko Suguimoto (viviansuguimoto122@gmail.com)

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

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

Entre os diversos tipos de enzimas obtidas a partir de fontes microbianas, a Beta-amilase possui uma ampla aplicação em processos industriais, como na indústria têxtil, fermentação, alimentos, detergentes, cervejarias e indústria farmacêutica. Em vista disso, a Beta-amilase é essencial e fundamental para a biotecnologia e atualmente, novas abordagens que incluem ferramentas de bioinformática para análises de dados e biologia molecular, viabilizam a bioprospecção in-sílico de informações, além da análise de microrganismos sem a necessidade de isolamento e cultivo em laboratório, sendo possível obter as sequências gênicas desejadas diretamente dos dados metagenômicos. O presente trabalho tem por objetivo identificar e quantificar os genes codificantes de Beta-amilase que estejam presentes na microbiota de duas amostras de solos provenientes da Embrapa Agropecuária Oeste de Dourados - MS. Um banco de dados local foi construído contendo 7523 sequências não- redundantes de aminoácidos da enzima Beta-amilase provenientes dos microrganismos: bactérias, fungos e archaea. Essas sequências foram oriundas do banco de dados biológicos secundário público “identical protein groups” do NCBI. Nessa etapa, após a comparação com o banco de dados, foi obtido 933 sequências da amostra de solo de mata nativa que apresentaram similaridade com a enzima Beta-amilase e 1435 sequências similares no solo de plantio convencional. Como resultado desta pesquisa foram identificadas um total de 2368 sequências que apresentaram similaridade com a enzima Beta-amilase, pertencentes a 901 microrganismos diferentes, identificados respectivamente por filo e gênero, foi observado também que o domínio bactéria apresentou maior quantidade de organismos que sintetizam a enzima de interesse. Após identificar os genes responsáveis pela produção de Beta-amilase, os mesmos foram analisados quanto à origem taxonômica em diferentes gráficos que foram construídos utilizando o programa MEGAN 6 para melhor visualização dos organismos de cada uma das amostras de solo que retornaram resultados. Após essa análise foi possível identificar 739 bactérias, 19 archaea e 144 fungos capazes de sintetizar a enzima Beta-amilase. Além disso, foi utilizado o programa STAMP para realizar análises estatísticas e gerar um gráfico de barra de erro estendido comparando cada uma das amostras de solo entre elas e comparando o perfil de abundância taxonômica apresentando

os resultados com diferenças estatísticas com intervalo de confiança de 95%. Nessa etapa observamos que a amostra do solo de mata nativa e amostra do solo de plantio convencional apresentaram diferença significativa na proporção, ou seja, o solo de mata nativa possui mais microrganismos produtores de beta-amilase. Esse trabalho possibilitou explorar a diversidade de microrganismos produtores de beta-amilase em duas amostras de solo. Todos os resultados obtidos foram armazenados em servidor local e espera-se que esses dados contribuam ampliando os conhecimentos da vasta biodiversidade de microrganismos presentes no solo.