

Poster (Painel)**64-1 Triagem de hidrolases por metagenômica de solos agrícolas do Norte do Paraná**

Autores: Souza, R.C. (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa AgropecuáriaUFPR - Universidade Federal do Paraná) ; Cantão, M.E. (EMBRAPA SUÍNOS E AVE - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Nogueira, M.A. (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Vansconcelos, A.T.R. (LNCC - Laboratório Nacional de Computação Científica) ; Gomes, R.R. (UFPR - Universidade Federal do Paraná) ; Vicente, V.A. (UFPR - Universidade Federal do Paraná) ; Hungria, M. (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária)

Resumo

Hidrolases englobam um grupo de enzimas que catalisam a quebra de ligações covalentes em reação com água; entre elas estão as proteases, amilases, lipases, pectinases, celulases e catalases. Essas enzimas são muito importantes, com ampla utilização na indústria em geral. O solo é um ambiente muito rico e diverso em microrganismos, sendo considerado a maior fonte para obtenção de substâncias, enzimas e antibióticos, por exemplo. Com a metagenômica, passou a ser possível acessar melhor esse potencial microbiano, permitindo a descoberta de novos genes e biomoléculas. Neste estudo foram coletadas amostras de solos (0-10 cm de profundidade) do norte do Paraná visando buscar hidrolases microbianas funcionais. Foi realizada a extração do DNA de um Latossolo Vermelho Eutroférrico sob quatro manejos de solo e de culturas distintos e as amostras foram submetidas ao sequenciamento utilizando a plataforma 454 (Applied Science). As sequências de DNA foram comparadas com o banco de dados não redundante (NR) do NCBI (National Center for Biotechnology Information) e KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) para busca de similaridade com proteases, amilases, lipases, pectinases, celulases e catalases. A partir do DNA total foram realizadas reações de PCR (Polymerase Chain Reaction) com primers degenerados direcionados para a amplificação de pectinases, celulases e lacases e os produtos de PCR foram purificados com Purelink kit (Invitrogen®) e sequenciados (ABI 3500xL, Applied Biosystems®). A comparação com as sequências do NCBI e KEGG resultou na identificação de 1.137 sequências com grande similaridade com a enzima lacase; 16.883 sequências para celulase; 2.001 para pectinase; 1.006 para amilase; e 3.725 para lipase. Esses resultados mostram que esses solos agrícolas representam uma fonte importante de recursos biológicos para aplicação industrial, principalmente de enzimas celulases. Até o presente momento, o sequenciamento de 26 produtos amplificados por PCR apresentou identidade para uma amostra, que foi identificada como a enzima celulase.

Palavras-chave: hidrolases, celulases, metagenômica, microbiologia ambiental, microbiologia do solo