

## CONSTRUÇÃO DE BIBLIOTECA METAGENÔMICA DE PEQUENOS INSERTOS COM DNA DE RUMEN DE CAPRINOS

Isabel S. Cunha<sup>1</sup>, Thaís O. Lemos<sup>1</sup>, Marco Bomfim<sup>2</sup>, Hugo Molinari<sup>3</sup>, Ricardo H. Krüger<sup>1</sup>, Betania F. Quirino<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Católica de Brasília, Pós-graduação em Ciências Genômicas e Biotecnologia, Brasília, DF,  
isabelbio\_cb@yahoo.com.br, thalemos@gmail.com.br, kruger@pos.ucb.br

<sup>2</sup>Embrapa-Caprinos, Sobral, CE, mabomfim@cnpc.embrapa.br

<sup>3</sup>Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, hugo.molinari@embrapa.br, betania.quirino@embrapa.br

**Palavras chaves:** Metagenoma, rúmen, bioprospecção e microrganismos.

Metagenoma é a estrutura genética coletiva e funcional de uma comunidade microbiana ambiental. Estudos moleculares têm revelado uma riqueza de espécies bem maior para as comunidades microbianas do que aquela conhecida por técnicas tradicionais de cultivo de microrganismos em meio de cultura. Embora técnicas moleculares tenham sido usadas para estudar a riqueza e composição de comunidades microbianas do rúmen de diversas espécies animais, ainda não há trabalhos descrevendo a construção de bibliotecas metagenômicas de rúmen de caprinos visando a exploração biotecnológica de enzimas para o setor sucro-alcooleiro. O objetivo desse trabalho foi extraírem DNA de microrganismos associados ao conteúdo sólido do rúmen de caprinos e construir uma biblioteca metagenômica de pequenos insertos. Os caprinos utilizados foram da raça brasileira Moxotó criados no semi-árido nordestino em regime aberto. DNA total de microrganismos associados às partículas sólidas do rúmen foi obtido através de método de extração direta em quantidade e pureza suficientes para clonagem. Preparações do DNA parcialmente digerido resultaram em fragmentos indo de 100 pb a 15 kb. Fragmentos apresentando tamanhos entre 5 a 8 kb foram cortados do gel e purificados. O DNA metagenômico purificado obtido foi ligado a plasmídeo linearizado e o sistema de ligação foi transformado em *E. coli*. A biblioteca construída possui aproximadamente 15,000 clones. Para validação da biblioteca, foram realizadas extrações do DNA plasmídial de uma amostragem de clones e o padrão eletroforético após digestão com enzima de restrição foi analisado em gel de agarose. Todos os clones analisados possuíam insertos e estes tinham padrão diferente de bandas. Além disso, foi realizado seqüenciamento das amostras de clones para comparação com banco de dados. Esta biblioteca será triada para atividades enzimáticas diversas, incluindo atividade celulolítica, amilolítica e xilanolítica.

**Apoio Financeiro:** CNPq, FAP-DF, UCB