

Poster (Painel)

1854-2 **Identificação de clones com atividade quitinolítica em Biblioteca Metagenômica de solo da Amazônia**

Autores: Daniel Lôpo Polla (UCB - Universidade Católica de Brasília) ; Shelly Paluan (UCB - Universidade Católica de Brasília) ; Betania Ferraz Quirino (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa AgropecuáriaUCB - Universidade Católica de Brasília) ; Cristine Chaves Barreto (UCB - Universidade Católica de Brasília)

Resumo

O metagenoma é o DNA de todos os organismos em uma amostra e a metagenômica é um conjunto de técnicas que acessam esse metagenoma sem a necessidade de cultivar os micro-organismos. Essas técnicas são comumente usadas na bioprospecção, a busca de novos compostos de origem biológica com aplicações industriais. Atualmente existem vários projetos de bioprospecção na Universidade Católica de Brasília, um deles é a busca de enzimas hidrolíticas produzidas por bactérias utilizando-se metagenomas de amostras como solo do Cerrado e da Amazônia. Utilizando a metagenômica já foram obtidos clones com atividades lipolíticas, amilolítica e proteolítica. O objetivo do presente trabalho é aperfeiçoar o teste de atividade quitinolítica e identificar clones com esta atividade numa biblioteca metagenômica de solo da Amazônia. Estas enzimas podem ser utilizadas para controle de fungos patogênicos de plantas e animais e na vigilância sanitária no controle da larva de mosquitos transmissores da dengue e da malária. Como controle foi utilizada a bactéria *Vibrio alginolyticus* devido a sua atividade quitinolítica já conhecida. Para padronização da triagem, foram testados dois tipos de quitina coloidal: úmida e liofilizada, no qual foram usadas diferentes concentrações de ambas para determinar a melhor condição de crescimento e de detecção da atividade quitinolítica pela formação de halo de degradação. Foi selecionada a quitina úmida na concentração de 2% para triar a biblioteca de Solo da Amazônia. As placas foram incubadas, e após o crescimento, a revelação do halo de degradação foi realizada com vermelho do Congo a 0,1%. Após a triagem de 4.032 clones, foram identificados três clones positivos para atividade quitinolítica nessa biblioteca metagenômica. Dois desses clones foram sequenciados até o momento, e o sequenciamento revelou o gene de uma possível nova glicosil hidrolase. A otimização da metodologia para detecção de atividade quitinolítica foi realizada e aplicada com sucesso na triagem de uma biblioteca metagenômica possibilitando a utilização em outras bibliotecas e possivelmente a descoberta de novos genes que codificam para quitinases.