

Poster (Painel)**901-1 Identificação de enzimas lignocelulolíticas no microbioma do rúmen de ovinos usando metagenômica *shotgun***

Autores: Lopes, L.D. (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Lima, A.O.S. (UNIVALI - Universidade do Vale do Itajaí) ; Silva, L.R.F. (UFPI - Universidade Federal do Piauí) ; Romagnoli, E.M. (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Taketani, R.G. (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Ferreira, C. (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Abdalla, A.L. (CENA-USP - Universidade de São Paulo) ; Mendes, R. (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária)

Resumo

Os combustíveis fósseis estão gradativamente sendo substituídos por fontes de energia renováveis e não poluentes, como os biocombustíveis. Porém, há um entrave na produção destes, pois a fração mais recalcitrante da biomassa vegetal não é degradada durante o processo fermentativo, resultando em resíduo aquilo que poderia estar sendo convertido em etanol. Para solucionar tal problema, tem-se procurado novas enzimas para a aplicação no resíduo, permitindo assim a produção de etanol de segunda geração. O sistema digestivo dos ruminantes é um ambiente naturalmente enriquecido para a degradação de biomassa. Estes animais abrigam um complexo microbioma em seus rúmens, onde os compostos lignocelulósicos são degradados graças a enzimas microbianas. Portanto, o presente estudo utilizou a plataforma Ion Torrent (PGM) para o sequenciamento do microbioma do rúmen de ovinos, com o objetivo de identificar enzimas lignocelulolíticas. Foram coletadas amostras de rúmen de quatro carneiros da raça Santa Inês. O DNA total isolado de cada amostra foi agrupado em uma amostra composta, para depois ser inteiramente sequenciado pela abordagem metagenômica. O sequenciamento gerou ~2,26 milhões de *reads*, com um comprimento médio de 99 pb. Os *reads* foram anotados por dois bancos de dados de proteína (Swissprot e Subsystems). Foram identificadas várias enzimas relacionadas à degradação de hemicelulose, celulose e até lignina, como endoglucanases (5 *hits*), β -glicosidases (6 *hits*), β -xilanasas (2 *hits*), entre outras. Além dos resultados funcionais, o sequenciamento revelou a composição taxonômica bacteriana, dominada por Bacteroidetes (80%), Firmicutes (10%), Proteobacteria (2%) e vários outros filos menos abundantes. Em adição às enzimas já conhecidas, outras foram designadas como putativas, prováveis ou hipotéticas, o que mostra o grande potencial do rúmen de ovinos para a descoberta de novas enzimas mais eficientes para a aplicação no substrato lignocelulósico.