

**Título: Bioprospecção de genes codificadores de enzimas poliquetídeos sintases (PKS) em solo de floresta de mata atlântica**

Autor(es) Bianca Faria; Luciano Procópio da Silva\*

E-mail para contato: lucianoprocopio@gmail.com

IES: UNESA / Rio de Janeiro

Palavra(s) Chave(s): solo tropical; metagenômica; poliquetídeos sínteses; bactérias

### RESUMO

Análises filogenéticas baseadas em sequências de amostras ambientais, têm permitido a identificação de diversos genes codificadores de enzimas com potenciais biotecnológicos. Dentre estas enzimas, destacam-se as poliquetídeos sintases (PKS). As PKSs são enzimas presentes em genomas microbianos, especialmente em bactérias, responsáveis pela síntese de químicos complexos, denominados produtos naturais ou metabólitos secundários, os quais apresentam uma vasta gama de atividades biológicas e farmacológicas como antibacteriana, antifúngica, anti-colesterol, antiparasitário, anticancerígeno e propriedades imunossupressoras. Relatos na literatura científica têm destacado a comunidade microbiana presente em solo, em especial solo tropical, como uma rica fonte de genes codificadores de PKS. O objetivo deste trabalho é a bioprospecção de genes codificadores de PKSs, a partir de comunidade bacteriana presente em solo de floresta tropical, empregando técnicas de cultivo em laboratório aliado às técnicas de biologia molecular e metagenômica. Para este fim, foi coletada uma amostra de solo na região da trilha ecológica conhecida como Castelinho no município de Petrópolis-RJ. Em seguida o solo coletado foi empregado na semeadura em placas contendo meio de cultura LB-Ágar, a fim de identificar a diversidade de bactérias cultiváveis através de caracterização de diferentes morfotipos de colônias isoladas. A partir da mesma amostra foi realizada a extração de DNA ambiental total empregando kit comercial da empresa MoBio, seguindo o protocolo sugerido pelo fabricante. Após a checagem da integridade do DNA total obtido, por meio de eletroforese em gel de agarose 0,8%, cerca de 0.1 µg de DNA foi utilizado em uma reação de amplificação de PCR empregando primers para o gene rRNA 16S. Posteriormente foi realizada uma segunda reação de PCR empregando dois diferentes pares de primers para domínios conservados de genes codificadores das enzimas PKS I e PKS II. Análise em eletroforese em gel de agarose 0,8% dos amplicons de ambas as amostras ambientais mostraram que os fragmentos apresentaram o tamanho molecular esperado, conforme descrito na literatura, o que indica a presença destes genes na comunidade presente analisada. Para perspectivas futuras, estes amplicons serão enviados para sequenciamento, seguida de posterior anotação e análise dos resultados por meio de homologia em bancos de dados disponíveis no sítio NCBI.