

**Título: Bioprospecção de genes codificadores de peptídeo não ribossomal sintetase (NRPS) proveniente de amostras de solo de mata atlântica**

Autor(es) Liza Machado Borges; Luciano Procópio da Silva\*

E-mail para contato: lucianoprocopio@gmail.com

IES: UNESA / Rio de Janeiro

Palavra(s) Chave(s): solo tropical; metagenômica; peptídeo não ribossomal sintetase; bactérias

#### **RESUMO**

Microrganismos presentes no solo têm provado ser uma importante fonte para isolamento de produtos naturais e seus derivados para obtenção de substâncias de potencial biotecnológico. Através da análise filogenética dos genes encontrados nestas amostras, por causa da relação linear de biossíntese dessas enzimas multimodulares responsáveis pela produção de peptídeos não ribossomais, é possível estabelecer um mapeamento dos genes envolvidos nestas vias biossintéticas. As enzimas denominadas de Peptídeo Não Ribossomal Sintetases (NRPSs) apresentam grande relevância, pois seus produtos possuem variadas aplicações biológicas e farmacológicas, como supressores de respostas imunológicas, antibióticos e até mesmo como agentes citostáticos. O discernimento do assunto nos fornece modelos para aumentar nossa capacidade de desenvolver novas moléculas. O objetivo deste trabalho é a bioprospecção de genes codificadores NRPSs, 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 os primer A7R e A3, os quais são descritos na literatura na amplificação da região do gene bpsA, a qual é descrita como domínio de adenilação, altamente conservada entre as NRPSs. Análise em eletroforese em gel de agarose 0,8% mostrou que a amplificação foi obtida no tamanho molecular esperado, cerca de 800 pb, conforme descrito na literatura, o que indica a presença destes genes na comunidade presente analisada. Para perspectivas futuras, estes amplicons serão enviados para sequenciamento, posterior anotação e análise dos resultados por meio de homologia em bancos de dados disponíveis no sítio NCBI.