



Bioprospecção de genes de interesse biotecnológico a partir do metagenoma de solo do cerrado

Almeida, ASSA¹; Correia, VAB¹; Quirino, BF²; Krüger, RH³; Noronha, EF⁴

¹ Universidade Católica de Brasília - Programa de Pós-graduação em Ciências Genômicas e Biotecnologia

² Embrapa Agroenergia/ Universidade Católica de Brasília - Programa de Pós-graduação em Ciências Genômicas e Biotecnologia

³ Universidade Católica de Brasília - Programa de Pós-graduação em Ciências Genômicas e Biotecnologia/Universidade de Brasília- Departamento de Biologia celular

⁴ Universidade de Brasília - Departamento de Biologia Celular, Laboratório de Enzimologia/ Universidade Católica de Brasília - Programa de Pós-graduação em Ciências Genômicas e Biotecnologia

abdalla.ucbiologia@gmail.com

Palavras-chave: Lipases, proteases e metagenoma

Os estudos da bioprospecção de genes que expressão enzimas de interesse biotecnológico utilizando microorganismos, representam a maior parte dos projetos de pesquisa na área de tecnologia enzimática. O uso industrial de enzimas tem ganhado bastante espaço em virtude da crescente preocupação com os problemas ambientais causados pelas indústrias, tais como: o acúmulo de rejeitos, descarte de produtos tóxicos gerados em etapas de produção e uso de compostos tóxicos no combate de pragas. No entanto, grande atenção tem sido dada a novas tecnologias para a descoberta de novas enzimas. Estas novas técnicas estão mudando as regras do jogo para a biocatálise industrial. Neste contexto, o metagenoma é uma ferramenta muito útil para a busca de novas enzimas com propriedades cinéticas adequadas ao uso industrial. Com base na importância industrial de enzimas, assim como do potencial de utilização de metagenoma como fonte de enzimas de interesse biotecnológico, propõe-se neste projeto a seleção de novas proteases e lipases a partir de metagenoma de solo. Foi feito o “Screening” da biblioteca metagenômica de solo de Cerrado “stricto sensu” para detecção de proteases e lipases. Em seguida, a extração do DNA plasmidial dos clones positivos para as atividades enzimáticas; análise perfil de digestão dos plasmídios purificados dos clones positivos para as atividades enzimáticas; analisar a digestão dos plasmídios e realizar o seqüenciamento do DNA plasmidial dos clones de interesse e as seqüências obtidas. Foram selecionados sete clones metagenômicos produtores de protease denominados pPROa, pPRO1, pPRO2, pPRO3, pPRO4, pPRO5 e pPRO6; e também foram selecionados três clones metagenômicos produtores de lipase, denominados pLIP1, pLIP2 e pLIP3; foi feita extração do DNA plasmidial dos clones e digestão do DNA plasmidial dos clones pLIP1, pLIP2, pLIP3 e pPRO3 e foi identificado a presença de insertos com tamanhos diferentes variando de 6 a 8 Kb. Através da abordagem metagenômica é possível obter genes de interesse biotecnológico a partir de amostras ambientais.

Apoio Financeiro: CNPq e FAP-DF