TRIAGEM MOLECULAR DO GENE *Phac* DE VIA SINTESE DE POLIHIDROXIALCANOATOS (PHAs) EM BACTÉRIAS ISOLADAS DA AMAZÔNIA

Monica Teixeira¹, Ricardo de M. Katak², Elerson M. Rocha³, Cristiano A. de Souza⁴, Veranilce A. Muniz⁵, Cynara C. Cruz⁶.

- 1. Estudante de IC do Centro de Estudos Superiores de Parintins CESP/UEA; *mteixeira660@gmail.com
- 2. Estudante de Doutorado em Biotecnologia PPGBIOTEC/UFAM;
- 3. Estudante de Doutorado em Biotecnologia PPGBIOTC/UFAM:
- 4. Mestre em Biotecnologia PPGMBT/UEA
- 5. Graduada em Ciências biológicas Universidade do Estado do Amazonas CESP/UEA;
- 6. Pesquisadora do curso de Ciências Biológicas CESP/UEA;

Palavras Chave: Biopolímeros, microbiota amazônica, PHA sintases.

Introdução

Polihidroxialcanoatos (PHAs) são macromoléculas produzidas por bactérias, fungos e plantas como armazenamento de carbono e energia (LAYCOCK et al., 2014). Os PHAs apresentam propriedades físicas e químicas semelhantes aos plásticos petroquímicos. Além disso, possuem uma gama de aplicações biotecnológicas, farmacêuticas e médicas. No entanto, a busca de novas linhagens bacterianas produtoras de polihidroxialcanoatos oriundos da microbiota Amazônica, torna-se uma estratégia interessante para esta Região. A síntese de PHAs, podem ser codificadas por genes e, por vezes PhaC e PhaE um gene adicional ou PhaR, são enzimas chaves para produzir PHA. PhaCs catalisam a conversão de substratos (R) -3-hidroxiacil-CoA para PHAs. Portanto, este estudo, tem como objetivo detectar bactérias isoladas de diferentes ambientes Amazônicos portadores do gene Phac da via metabólica da síntese de polihidroxialcanoatos (PHAs) por PCR, e selecionar bactérias que apresentam o potencial para os biopolímeros.

Resultados e Discussão

As linhagens estudadas foram isoladas de diferentes ambientes Amazônicos como solo, águas e plantas, em seguida foram purificadas e caracterizadas pelo método de Gram. O DNA genômico foi amplificado pelo gene *PhaC* com os primers GD (5'-GTGCCGCC(GC)(CT)(AG)(GC)ATCAACAAGT-3' e 5'-GTAGTTCCA(GC)A(CT)CAGGTCGTT-3' e realizadas em termociclador Thermal Cycler®. O produto amplificado foi confirmado com eletroforese em gel de agarose a 1,3 %, e corados com gel red.

Considerando os resultados de amplificação dos fragmentos de DNA do gene *PhaC*, de onze colônias testadas, dez linhagens foram positivas para a presença do gene com bandas esperadas de 550 pb. (figura 1). Este estudo revela a presença de linhagens amazônicas portadoras de genes para síntese de PHA.

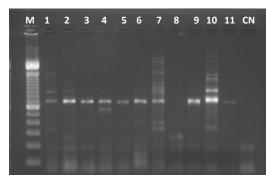


Figura 1. Perfil eletroforético de amplificação do DNA do gene *PhaC* em Bactérias isoladas da Amazônia. Coluna 01: Marcador Molecular 1Kb; coluna 02: ASAP1.4NA, coluna 03: P6.1NA; coluna 04: ASAP1.3NA; coluna 05: SAPAP2.3NA; coluna 06: AAP1NA; coluna 07: LAP2.4NA; coluna 08: P4.3NA; coluna 09: LA2NA; coluna 10: LAP3.3LB; coluna 11: P4.2NA; coluna 12: Controle negativo.

Os genes codificantes desta enzima representam as moléculas alvo para detecção de novas linhagens bacterianas produtoras de PHAs nas mais diversas amostras ambientais. O gene *PhaC* é o mais importante, isto deve o fato de que o codificador para enzima chave da ultima etapa da via metabólica de síntese de PHAs (SHEU et al., 2000).

Conclusões

Foram encontradas 10 linhagem portadoras do gene que codifica a síntese de polihidroxialcanoatos em linhagens isoladas de diferentes ambientes amazônicos. Portanto, o método de PCR mostrou-se eficiente e rápida para selecionar bactérias potencialmente portadoras de genes para síntese de polihidroxialcanoatos, tornando-se uma grande ferramenta para o estudo da microbiota Amazônica.

Agradecimentos

Fundação de Amparo á pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM). Centro de Estudos Superiores de Parintins CESP/UEA.

SHEU, D.S.; WANG, Y.T; LEE, CY. Rapid detection of polyhydroxyalkanoate-accumulating bacteria isolated from the environment by colony PCR. Microbiology. 146:2019-2035, 2000.

B. LAYCOCK, P. HALLEY, S. PRATT, A. WERKER, AND P. LANT, "The chemomechanical properties of microbial polyhydroxyalkanoates," Progress in Polymer. Science, vol. 39, no. 2, pp. 397–442, 2014.