

XIV Salão Iniciação Científica da PUCRS

Seleção e identificação por análise de sequenciamento do gene que codifica o rRNA 16S de microrganismos ambientais capazes de degradar o glicerol

Bolsista BIT/INOVAÇÃO: Nicole Anne Modena
Orientadora: Dra Suelen Paesi

Universidade de Caxias do Sul - Instituto de Biotecnologia - Laboratório de Diagnóstico Molecular, Caxias do Sul - RS/Brasil 95070-560. Tel.: (54) 3218 2149
Nicole Anne Modena (namodena@ucs.br), Suelen Paesi (sopaesi@ucs.br)

Resumo

Nos últimos anos, alternativas para a utilização de combustíveis fósseis vêm sendo desenvolvidas, principalmente com o advento de pesquisas sobre tecnologias renováveis e desenvolvimento sustentável. No mercado brasileiro, é crescente a consolidação de biodiesel, que é opção sustentável, embora gere grande quantidade de subprodutos de difícil aproveitamento, como o glicerol. O objetivo do trabalho foi selecionar e identificar microrganismos capazes de crescer em meio de cultivo contendo o glicerol como única fonte de carbono. Os microrganismos foram isolados a partir de quatro amostras de lodos de estação de tratamento de efluentes de origem agroindustrial. Os substratos receberam tratamentos de gradientes de temperatura para a inativação dos microrganismos hidrogenotróficos e foram transferidos para crescimento em meio de cultura contendo glicerol líquido (30g/L) como única fonte de carbono, em estado de anaerobiose. Após o crescimento em estufa, a solução foi transferida para meio sólido de glicerol, ainda em condição de anaerobiose. As colônias foram isoladas por estrias de esgotamento e submetidas à coloração de Gram e a crescimento em meio seletivo MacConkey. Foi realizada, então, a extração dos ácidos nucleicos com o kit comercial *Illustra® Bacteria Genomic MiniPrep*. As amplificações do material genético foram realizadas utilizando-se *primers* padrão para o Domínio Bacteria da subunidade 16S rRNA. Após o término da reação, foi confirmada a reação através de eletroforese em gel de agarose. Os amplificadores foram purificados e enviados para a análise de sequenciamento. As sequências nucleotídicas foram alinhadas e comparadas através do banco de dados GenBank, usando o programa BLAST, para a identificação de gênero e espécie. Foram identificadas cinco diferentes espécies de microrganismos capazes de degradar o glicerol, sendo elas *Enterobacter ludwigii*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Shigella sonnei*, *Shigella flexneri* e *Bacillus liqueniformis*. Na literatura, estes microrganismos estão relacionados com a síntese de gás hidrogênio e de bioprodutos utilizados na indústria. Os resultados obtidos confirmam a possibilidade de produzir compostos de interesse comercial por processos fermentativos biotecnológicos, que contribuirão para a degradação do glicerol e para a consolidação do mercado de biodiesel no país.

Palavras-chave:

Identificação de Microrganismos; Glicerol; Lodos Agroindustriais; Biologia Molecular.