

Poster (Painel)**1089-1 Triagem de Bibliotecas Metagenômicas para Isolamento de Clones com Atividade de Celobiohidrolase.**

Autores: Lucas Silva Carvalho (UNB - Universidade de Brasília) ; Ricardo Henrique Krüger (UNB - Universidade de Brasília) ; Betania Ferraz Quirino (EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária / UCB - Universidade Católica de Brasília)

Resumo

A celulose é um polissacarídeo insolúvel em água, sendo o carboidrato mais abundante na natureza. Estruturalmente, a celulose é um homopolímero linear sendo formada por unidades de glicose unidas entre si por ligações glicosídicas β - 1,4. A degradação biológica da celulose se dá pela ação de uma ampla diversidade de fungos e bactérias que produzem celulasas. Diferentes tipos de celulasas (endoglucanases, exoglucanases e β -glicosidasas) que possuem sinergismo e mecanismos de ação distintos são necessários para a hidrólise completa da celulose. Celobiohidrolases são exoglucanases e clivam a celulose em unidades de celobiose. A exploração biotecnológica da biodiversidade microbiológica com o propósito de obter novas celulasas tem potencial aplicação na indústria de degradação de biomassa, especificamente na de etanol de segunda geração. Entretanto, apenas uma pequena parte de uma microbiota pode ser acessada usando técnicas clássicas de cultivo. Com isto a metagenômica desponta como uma ferramenta importante para exploração do potencial metabólico total da microbiota incluindo o seu componente não cultivado. Foram triados para atividade de celobiohidrolase um total de 200.000 clones oriundos de bibliotecas metagenômicas de grandes insertos de DNA (35kb) de solo do cerrado e pequenos insertos de DNA de rúmen (8 kb) de caprino e solo do cerrado. A atividade enzimática da celobiohidrolase produzida por clones foi detectada usando o substrato fluorogênico metilumbeliferil celobiosídeo (MUC) e excitação em luz UV. Dois clones nomeados *cbh1* e *cbh2* foram identificados. Os clones obtidos foram sequenciados e comparados com o banco de dados confirmando sua semelhança com exoglucanases. Os resultados indicam a viabilidade da obtenção de clones com atividade enzimática de celobiohidrolase isolados a partir de bibliotecas metagenômicas.

Palavras-chave: Metagenômica, Celobiohidrolases, Celulasas