

# Análise de genomas montados a partir de uma comunidade microbiana enriquecida com lignina

Vitória Pinheiro Balestrini<sup>1</sup>, Otávio Henrique Bezerra Pinto<sup>2</sup>, Ricardo Henrique Krüger<sup>3</sup>, Betania Ferraz Quirino<sup>4</sup>

## Resumo

A desconstrução de lignina por bactérias possui diversas vantagens, como a maior especificidade das reações e a facilidade de manipulação genética em relação aos fungos. Neste estudo, análises de bioinformática foram utilizadas para caracterizar a diversidade microbiana de três consórcios enriquecidos para microrganismos capazes de degradar lignina, com foco nas bactérias. Os consórcios foram obtidos a partir de três tipos de solo, enriquecidos por meio de sucessivas passagens em meio de cultura na qual a lignina extraída por método alcalino de capim (*switch-grass*) foi usada como única fonte de carbono. Foi extraído e sequenciado o DNA metagenômico da terceira passagem do enriquecimento. A partir dos dados de sequenciamento, foram recuperados 232 genomas, destacando-se 39 genomas após aplicação de critérios de qualidade de montagem. Os filos bacterianos mais abundantes nos três consórcios foram de Proteobacteria, Bacteroidetes e Actinobacteria, com identificação taxonômica de somente dois genomas em nível de espécie. Os consórcios apresentaram funções condizentes com o ambiente de isolamento, solos, além de possíveis vias metabólicas relacionadas à degradação da lignina. Foram escolhidos quatro genomas, duas Alphaproteobacterias e duas Actinobacterias, com base na taxonomia, para análises mais profundas das vias de degradação de lignina focada nos monolignóis. Experimentos de alinhamento genômico mostraram que os genomas de cada filo não foram provenientes da mesma espécie. A análise metagenômica permitiu a identificação de diferentes vias metabólicas relacionadas à degradação dos monolignóis. Entretanto, não se pode afirmar inequivocamente sobre a capacidade ou não de degradação da lignina codificada nesses quatro genomas, pela falta de literatura sobre essas vias específicas.

**Termos para indexação:** degradação de lignina, metabolismo, bactérias, metagenômica, comunidades microbianas.

<sup>1</sup> Biotecnologista, doutoranda em Biologia Microbiana, Universidade de Brasília, vitoria.balestrini@colaborador.embrapa.br

<sup>2</sup> Biólogo, doutor em Biologia Molecular, Universidade de Brasília, otaviohenriquebp9@gmail.com

<sup>3</sup> Biólogo, doutor em Biologia Microbiana, professor da Universidade de Brasília, kruger@unb.br

<sup>4</sup> Bióloga, doutora em Biologia Molecular e Celular, pesquisadora da Embrapa Agroenergia, betania.quirino@embrapa.br