

**Poster (Painel)****1937-1 Diversidade funcional de genes com potencial biotecnológico em um solo agrícola no Norte do Paraná**

**Autores:** Souza, R.C. (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária/UFPR - Universidade Federal do Paraná) ; Cantão, M.E. (EMBRAPA SUÍNOS E AV - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Nogueira, M.A. (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) ; Vansconcelos, A.T.R. (LNCC - Laboratório Nacional de Computação Científica) ; Barcellos, F.G. (UEL - Universidade Estadual de Londrina) ; Vicente, V.A. (UFPR - Universidade Federal do Paraná) ; Hungria, M. (EMBRAPA SOJA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária)

**Resumo**

Solos agrícolas são comumente submetidos a diversas práticas de manejo, incluindo operações de semeadura, diferentes culturas, aplicações de agrotóxicos, entre outros. Em geral, os solos são ricos tanto em biodiversidade, como em funcionalidade microbiana, contudo, a maioria dos microrganismos ainda é desconhecida, pelas limitações nas técnicas de cultivo. Com a metagenômica, porém, passou a ser possível acessar esse potencial microbiano, permitindo a descoberta de novos genes e biomoléculas. Neste estudo foram coletadas amostras de solos (0-10 cm) intensamente cultivados e recebido quantidades expressivas de agrotóxicos por mais de um década, oriundos da estação experimental da Embrapa Soja, visando buscar microrganismos e genes com capacidade de degradação de xenobiontes. Foi realizada a extração do DNA do solo e as amostras foram submetidas ao sequenciamento utilizando a plataforma 454 (Applied Science). As sequências obtidas foram analisadas através do programa MEGAN (Metagenome Analyser), realizando-se buscas funcionais por meio da comparação com o banco de dados não-redundante The SEED. As sequências também foram comparadas com o banco de dados não redundante (NR) do NCBI (National Center for Biotechnology Information) e KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) para busca com similaridade com hidrolases, tais como pectinases, celulases, lacases, amilases e lipases. De um total de 4 milhões de sequências analisadas pelo MEGAN, apenas uma pequena porcentagem (17%) foi classificada em alguma função conhecida, em um total de 27 subsistemas. No entanto, 44% não apresentaram classificação em nenhum subsistema e, além dessas, muitas outras (38%) não passaram pelos critérios de corte do programa. A comparação contra as sequências do NCBI e KEGG resultou na identificação média de 1137 sequências com grande similaridade com a enzima lacase; 16883 sequências para celulase; 2001 para pectinase; 1006 para amilase; e 3725 para lipase, mostrando que esses solos representam uma fonte importante de recursos biológicos para aplicação industrial.