



CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE BACTÉRIAS EM ÁREAS LITORÂNEAS NO ESTADO DO PARÁ

¹Conceição, E. L. S.; ²Leite, P. H. O.; ³Iudice, T. N. S.; ⁴Aquino, A. C. C.

¹Biomédica. Universidade da Amazônia. evelynlorena01@gmail.com. ²Acadêmico de Biomedicina. Universidade do Estado do Pará. Pdrt663@gmail.com. Doutoranda em Ciências Farmacêuticas pelo Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas – PPGCF/Universidade Federal do Pará; Laboratório de Microbiologia Aplicada – LabMicro/Universidade do Estado do Pará. tircajudice@gmail.com. ⁴Acadêmica de Biomedicina. Universidade da Amazônia. annaclaudiaaquino12@gmail.com.

Linha de pesquisa: 3. Microbiologia

RESUMO

A biodiversidade ambiental abrange todos os microrganismos que podem resultar em potencial biotecnológico, biorremediação e outras substâncias químicas, portanto a variedade microbiana precisa ser constantemente investigada, pois é de extrema importância para estabelecer padrões de conservação do meio ambiente e recursos naturais. Assim, este estudo analisou amostras bacteriológicas de áreas litorâneas dos municípios paraenses: Bragança, Marudá e Algodual. Com os objetivos de caracterizar fenotipicamente as amostras das cepas selecionadas, identificar a diversidade genética, associar os resultados obtidos à qualidade das águas e registrar os dados no Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado (SisGen) para contribuir na conservação da biodiversidade brasileira. A pesquisa sucedeu a partir de um estudo descritivo e experimental o qual foram utilizadas amostras da bacterioteca do Laboratório de Microbiologia Aplicada da Universidade do Estado do Pará previamente isoladas. Com a reativação e isolamento das



cepas em Ágar Nutriente e Ágar Columbia, foi feita a caracterização fenotípica através da técnica de Gram, testes bioquímicos e microcultivo. Contudo, para a caracterização molecular será necessário realizar a extração de DNA e BOX-PCR, utilizando o *primer* BOX-A1R (Exxtend), de sequência 5' CTA CGG CAA GGC GAC GCT TGA CG 3', para analisar os fragmentos dessas bandas será realizada manualmente com o auxílio do software CLIQS 1D Pro (Totallab), em seguida esse material amplificado seguirá para análise de sequenciamento do RNA ribossomal 16s (16S rRNA), utilizando primers universais 27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') e 1492R (5'-GGTTACCTTGTTACGACTT-3') para amplificação por PCR convencional. Os dados obtidos serão integrados a análises de diversidade genética para determinar quais cepas possuem relevância sanitária para o monitoramento da balneabilidade das praias e dos rios paraenses. Foram selecionadas 20 cepas com crescimento bacteriano abundante, morfologias diversificadas, presença de possíveis fungos, com colônias isoladas e que apresentaram pigmentação. A caracterização fenotípica mostrou a diversidade microbiana das cepas escolhidas, com a presença de bacilos Gram positivos, cocos Gram positivos, cocobacilos Gram negativos e pseudohifas. Os resultados adquiridos indicaram a presença de diversas morfologias microbianas que fazem parte do acervo bacteriológico do Laboratório de Microbiologia Aplicada, e para prosseguir com a avaliação genômica dessas amostras está sendo realizado o procedimento de aceite institucional do projeto na Universidade do Estado do Pará que engloba os recursos necessários para a conclusão desse trabalho.

Palavras-chave: Caracterização Fenotípica; Identificação Genética; Diversidade Microbiana; Biodiversidade.

Instituição financiadora: Universidade do Estado do Pará, Laboratório de Microbiologia Aplicada – Grupo de Estudos em Bacteriologia Aplicada (GEBAC).