



## Isolamento e caracterização de microrganismos de lagoas salitradas da região de Nhecolândia (MS)

Mariana Dall'Alba<sup>1,2</sup>, Letícia Marconatto<sup>2</sup>, Francine Melise dos Santos<sup>2</sup>, Audrey Menegaz Proença<sup>1,2</sup>, Renata Medina da Silva<sup>1,2</sup> (orientador)

<sup>1</sup>*Escola de Ciências da Saúde e da Vida, PUCRS*, <sup>2</sup>*Instituto do Petróleo e dos Recursos Naturais (IPR)*

Tipo de bolsa: BPA/PUCRS – Apoio Técnico

### Resumo

A sub-região da Nhecolândia, localizada no Pantanal Matogrossense, apresenta um sistema lacustre composto por diversas lagoas salitradas, com alta alcalinidade (pH entre 9 e 11). Esta alcalinidade é relacionada com as precipitações carbonáticas que ocorrem na região. Acredita-se que as condições dessas lagoas possam formar sistemas semelhantes com o do pré-sal, com o passar de milhões de anos. Assim, a fim de identificar os microrganismos envolvidos na formação dos carbonatos, o presente estudo propõe a identificação taxonômica, por meio de métodos moleculares, de isolados bacterianos que apresentam a capacidade de precipitar e dissolver carbonatos, obtidos a partir de amostras de sedimento das lagoas salitradas da Nhecolândia (MS). Será realizado o cultivo dos isolados a serem identificados, seguido da extração de DNA e reações de amplificação (PCR) de um fragmento do gene do RNA ribossomal (rRNA) 16S, com posterior sequenciamento de DNA. Esta metodologia faz com que seja possível a identificação das espécies dos microrganismos, uma vez que esta sequência de RNA difere entre uma espécie e outra. Além disso, também possibilita uma análise filogenética dos microrganismos, pois quanto maior a proximidade filogenética entre as espécies, as sequências de rRNA são mais similares. O procedimento de PCR ocorre com a desnaturação da fita de DNA, seguido do anelamento de *primers* e, então, extensão, por meio da enzima *Taq* polimerase. O sequenciamento de DNA faz a leitura da sequência de nucleotídeos que compõe o fragmento amplificado. Estas sequências são, então, utilizadas para as análises de bioinformática junto a bancos de dados de DNA, para identificação taxonômica e análises filogenéticas. Por fim, será realizada uma correlação dos resultados de identificação com dados microbiológicos previamente levantados para os isolados. Devido a atual situação de pandemia, as atividades práticas do estudo não puderam ser iniciadas, mas assim que este for realizado, espera-se obter informações relevantes sobre a identidade dos microrganismos, assim como características metabólicas e a relação com os ciclos de dissolução e precipitação de carbonatos.

**Palavras-chave:** Pré-sal; carbonatos; ecologia microbiana.