

074

AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DE ISOLADOS DE STREPTOMYCES.
Michele Bertoni Mann, Salomoni S P, Germani J C, Sueli Teresinha Van Der Sand (orient.) (ULBRA).

A família Streptomycetaceae compreende mais de 700 espécies. São bactérias Gram positivas, morfologicamente distintas, com crescimento filamentosos com micélio sobre o substrato e micélio aéreo bastante ramificado. Estes microrganismos são reconhecidos mundialmente como fonte de compostos bioativos, pois são capazes de produzir uma grande variedade de metabólitos, o que os tornou um importante grupo para estudos biotecnológicos. Considerando a importância deste grupo como fonte de moléculas bioativas e a necessidade por novos fármacos, o presente trabalho tem por objetivo avaliar a atividade antimicrobiana de isolados de Streptomyces, e selecionar isolados com maior potencial para posterior estudos de produção e caracterização de moléculas bioativas. Para a realização deste trabalho foram empregados 25 isolados de Streptomyces provenientes de processo de compostagem. A técnica da dupla camada foi empregada para avaliar a atividade antimicrobiana. Os isolados foram inoculados em placas contendo o meio de cultura ágar amido caseína, incubados por 14 dias a temperatura de 30°C. Após este período uma sobrecamada contendo uma suspensão do microrganismo teste (14 bactérias Gram positivas e 11 Gram negativas, 5 leveduras e 5 fungos filamentosos) foi vertida sobre as placas, sendo as mesmas incubadas nas temperaturas de 37 e 30°C por 24 e 72 horas. Dos 25 isolados de *Streptomyces*, 68% apresentaram atividade antimicrobiana, destes 100 % apresentaram atividade antibacteriana e 53% apresentaram atividade antifúngica. Todas as bactérias Gram positivas foram inibidas pelo menos por um dos isolados de Streptomyces, *B. stearothermophilus* foi inibido por 100% dos isolados que apresentaram atividade. Os microrganismos mais suscetíveis à atividade antimicrobiana foram *Peanibacillus alvei*, *Staphylococcus aureus*, *Bacillus subtilis*, *Eenterobacter agglomerans* e *Shigella dysenteriae*.