

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES

ESCUELA DE POSGRADO

**MAESTRÍA EN CIENCIAS CON MENCIÓN EN BIOTECNOLOGÍA
MOLECULAR**



**Caracterización molecular de bacterias degradadoras de quitina
de pluma de pota (*Dosidicus gigas*) utilizadas en la producción
de metabolitos**

TESIS

**Para optar el grado académico de Maestra en Ciencias con
mención en Biotecnología Molecular**

Autora: Ing. Maritza Yliana Navarro Purizaga

Tumbes, 2022

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES

ESCUELA DE POSGRADO

MAESTRÍA EN CIENCIAS CON MENCIÓN EN BIOTECNOLOGÍA MOLECULAR



Caracterización molecular de bacterias degradadoras de quitina de pluma de pota (*Dosidicus gigas*) utilizadas en la producción de metabolitos

Tesis aprobada en sello y estilo por:

Dr. Carlos Alberto Deza Navarrete (Presidente) _____

Dr. Leocadio Malca Acuña (Secretario) _____

Ph. D. Benoit Mathieu Diringer (Vocal) _____

Tumbes, 2022

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES

ESCUELA DE POSGRADO

MAESTRÍA EN CIENCIAS CON MENCIÓN EN BIOTECNOLOGÍA MOLECULAR



Caracterización molecular de bacterias degradadoras de quitina de pluma de pota (*Dosidicus gigas*) utilizadas en la producción de metabolitos

Los suscritos declaramos que la tesis es original en su contenido y forma:

Ing. Maritza Yliana Navarro Purizaga (Autora)

Ph.D. Eric Louis Mialhe Matonnier (Asesor)

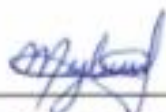
M.Sc. Rosa Liliana Solís castro (Co-asesora)

Tumbes, 2022

DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD

Yo, MARITZA YLIANA NAVARRO PURIZAGA, declaro que los resultados reportados en la tesis denominada "Caracterización molecular de bacterias degradadoras de quitina de pluma de pota (*Dosidicus gigas*) utilizadas en la producción de metabolitos", son producto de mi trabajo con el apoyo permitido de terceros en cuanto a su concepción y análisis. Asimismo, declaro (hasta donde tengo conocimiento) no contiene material previamente publicado o escrito por otra persona excepto al que se reconoce como tal a través de citas bibliográficas y con propósitos exclusivos de ilustración o comparación. En este sentido, afirmo que cualquier información presentada sin citar a un tercero es de mi propia autoría. Declaro, también que, en cuanto a la concepción y al estilo de la presentación o a la expresión escrita, la redacción de esa tesis es producto de mi propio trabajo con la dirección y apoyo de mis asesores de tesis y jurado calificador.

Atentamente



Ing. Maritza Yliana Navarro Purizaga



UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES
Licenciada
Resolución del Consejo Directivo N° 155-2019-SUNEDU/CD
ESCUELA DE POSGRADO
Tumbes – Perú


ACTA DE SUSTENTACION DE TESIS

En Tumbes, a los doce días de marzo del dos mil veintidós, a las dieciocho horas y mediante la modalidad virtual, vía zoom, por medio del siguiente enlace: <https://us02web.zoom.us/j/6063115712>, se reunieron los miembros del jurado designados con Resolución Directoral N° 087-2019/UNTUMBES-EPG-D, del 14 de mayo de 2019: Dr. Carlos Alberto Deza Navarrete, (presidente), Dr. Leocadio Malca Acuña, (secretario) y Ph.D. Benoit Mathieu Diringier, (miembro), para proceder al acto de la sustentación y defensa de la tesis: **Caracterización molecular de bacterias degradadoras de quitina de pluma de pota (*Dosidicus gigas*) utilizadas en la producción de metabolitos**; presentada por la egresada del Programa de Maestría en Ciencias con mención en Biotecnología Molecular, Maritza Yliana Navarro Purizaga, asesorada por el Ph. D. ERIC LOUIS MIALHE MATONNIER, con carnet de extranjería N° 000850601 y N° ORCID 0000-0002-7952-6907 y además co asesorada por la M. Sc ROSA LILIANA SOLIS CASTRO con DNI N° 17628592 y N° ORCID 0000-0002-1813-8644,


Concluida la exposición y sustentación, absueltas las preguntas y efectuadas las observaciones, lo declaran: **SOBRESALIENTE**, dando cumplimiento al Art. 29° del Reglamento de Investigación con fines de Graduación en la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional de Tumbes.

Siendo las veinte horas, se dio por concluido el acto académico, y dando conformidad se procedió a firmar la presente acta.

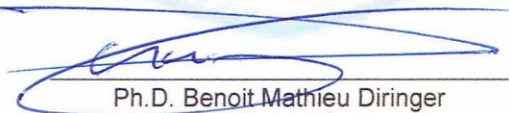
Tumbes, 12 de marzo de 2022.



Dr. Carlos Alberto Deza Navarrete
DNI N° 16532820
ORCID 0000-0002-3324-3741
Presidente de Jurado



Dr. Leocadio Malca Acuña
DNI N° 00250560
ORCID 0000-0002-4428-6114
Secretario de Jurado



Ph.D. Benoit Mathieu Diringier
Carné de extranjería N° 000727051
ORCID 0000-0001-6129-1751
Miembro de Jurado

DEDICATORIA

Dedico este esfuerzo y logro a mis padres, Maritza Asunciona Purizaga Sorroza y Lito Eduardo Navarro Zarate, por ser quienes me apoyaron en todo momento, por los consejos y el gran amor que me han brindado para concluir mi Tesis de posgrado satisfactoriamente, permitiéndome de esta manera seguir formándome como profesional. Mis logros siempre serán dedicados para ustedes, porque sin sus enseñanzas de seguir mejorándome como persona y profesional no lo hubiera logrado.

A Dios por darme la vida, brindándome sabiduría, salud y hacer posible la ejecución de este proyecto. Por haberme dado una hermosa familia, amigos y maestros que me han ayudado y dado buenos consejos para crecer profesionalmente.

A mis maestros, que se convirtieron en amigos, quienes me dieron la oportunidad de formar parte del proyecto que me permitió ejecutar esta investigación, en el cual me impartieron enseñanzas que me motivaron a seguir amando la ciencia y la investigación.

AGRADECIMIENTO

Quiero agradecer a Dios por mantener con salud a mis seres amados, por ser orientador de mi vida, por darme el entusiasmo y perseverancia para cumplir los objetivos trazados en la ejecución de esta investigación, y especialmente a mis padres les agradezco por todo el gran amor que me han dado, la sabiduría, dedicación y apoyo incondicional en cada una de las metas que me he trazado, por haber sido mi fortaleza durante todo el trayecto de la ejecución de la tesis y durante mis estudios de la maestría.

Agradezco al Programa Canon y SobreCanon de la Universidad Nacional de Tumbes, quienes financiaron la presente tesis de maestría a través del Proyecto ganador "Producción y caracterización molecular de metabolitos obtenidos a partir de la degradación biológica de desechos de langostino (*Litopenaeus vannamei*) y pluma de pota (*Dosidicus gigas*) para fines biotecnológicos", con Resolución N°0904-2018/UNTUMBES-CU. Asimismo, quiero agradecer a mi co-asesora, M.Sc. Rosa Liliana Solís Castro, por darme la oportunidad de participar en el proyecto, por convertirse en una amiga que me inculcó muchas enseñanzas, le agradezco su acertada dirección, consejos y apoyo que me permitió desarrollar y culminar mi tesis, así también agradezco a mi asesor de Tesis, PhD. Eric Mialhe Matonnier, por ser más que un maestro un amigo quien se preocupó por nuestra formación académica durante estos dos años de maestría.

Al mismo tiempo, agradezco a mi maestro, Dr. Gerardo J. Francisco Cruz Cerro, quien desde mi formación académica universitaria me ha ayudado para crecer profesionalmente, motivándome desde un inicio a seguir esta maestría y darme también la oportunidad de participar en este proyecto.

A la QF. Kiaranova Godoy Buatista, al Ing. John H. Rimaycuna Ramírez, al Ing. José Serna y amigos que me han ayudado de una u otra manera, les quiero agradecer su amistad y apoyo durante la ejecución del proyecto. Gracias a cada uno de ustedes.

ÍNDICE GENERAL

RESUMEN	14
ABSTRACT	16
I. INTRODUCCIÓN	¡Error! Marcador no definido.
II. REVISIÓN DE LA LITERATURA	¡Error! Marcador no definido.
III. MATERIALES Y METODOS	¡Error! Marcador no definido.
3.1. MATERIA PRIMA	¡Error! Marcador no definido.
3.2. OBTENCIÓN DE QUITINA Y QUITOSANO .	¡Error! Marcador no definido.
3.3. PREPARACIÓN DE QUITINA COLOIDAL ...	¡Error! Marcador no definido.
3.4. METAGENÓMICA	¡Error! Marcador no definido.
3.5. PREPARACIÓN DEL MEDIO DE CULTIVO.	¡Error! Marcador no definido.
3.6. AISLAMIENTO Y PURIFICACIÓN DE BACTERIAS	¡Error! Marcador no definido.
3.7. SELECCIÓN DE BACTERIAS Y CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA	¡Error! Marcador no definido.
3.8. IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE BACTERIAS SELECCIONADAS	¡Error! Marcador no definido.
3.8.1. Determinación de la especie microbiana	¡Error! Marcador no definido.
3.9. MEDICIÓN DE HALOS DE DEGRADACIÓN DE BACTERIAS SELECCIONADAS	¡Error! Marcador no definido.
3.10. IDENTIFICACIÓN DE GENES DE ENZIMAS DEGRADADORAS DE QUITINA	¡Error! Marcador no definido.
3.11. PRUEBA DE ANTAGONISMO DE BACTERIAS DEGRADADORAS DE QUITINA	¡Error! Marcador no definido.
3.12. DEGRADACIÓN BIOLÓGICA DE LA QUITINA DE PLUMA DE POTA	¡Error! Marcador no definido.
3.12.1. Preparación del inóculo	¡Error! Marcador no definido.
3.12.2. Preparación del medio y degradación por fermentación discontinua	¡Error! Marcador no definido.
3.13. OBTENCIÓN, IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE METABOLITOS	¡Error! Marcador no definido.

3.13.1. Obtención y cuantificación de quito-oligómeros	¡Error! Marcador no definido.
3.13.2. Obtención de quitosano	51
3.13.3. Caracterización de metabolitos mediante espectrometría Infrarroja con transformada de Fourier (FTIR)	¡Error! Marcador no definido.
3.14. ANÁLISIS ESTADÍSTICO	¡Error! Marcador no definido.
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	¡Error! Marcador no definido.
4.1. OBTENCIÓN DE QUITINA, QUITOSANO Y QUITINA COLOIDAL....	¡Error! Marcador no definido.
4.2. METAGENÓMICA	¡Error! Marcador no definido.
4.3. AISLAMIENTO Y SELECCIÓN DE BACTERIAS DEGRADADORAS DE QUITINA	¡Error! Marcador no definido.
4.4. CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y PRUEBAS ENZIMÁTICAS DE BACTERIAS SELECCIONADAS	¡Error! Marcador no definido.
4.5. IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE BACTERIAS SELECCIONADAS	¡Error! Marcador no definido.
4.6. MEDICIÓN DE HALOS DE DEGRADACIÓN DE BACTERIAS SELECCIONADAS	¡Error! Marcador no definido.
4.7. IDENTIFICACIÓN DE GENES DE ENZIMAS DEGRADADORAS DE QUITINA	¡Error! Marcador no definido.
4.8. PRUEBA DE ANTAGONISMO DE BACTERIAS DEGRADADORAS DE QUITINA	¡Error! Marcador no definido.
4.9. DEGRADACIÓN BIOLÓGICA DE LA QUITINA DE PLUMA DE POTA POR FERMENTACIÓN DISCONTINUA	¡Error! Marcador no definido.
4.10. OBTENCIÓN, IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE METABOLITOS	¡Error! Marcador no definido.
4.10.1. Obtención y cuantifica de quito-oligómeros.	¡Error! Marcador no definido.
4.10.2. Obtención de quitosano y ensayos de solubilidad	94
4.10.3. Caracterización de metabolitos mediante espectrometría Infrarroja con transformada de Fourier (FTIR)	¡Error! Marcador no definido.
V. CONCLUSIONES	¡Error! Marcador no definido.
VI. RECOMENDACIONES.....	¡Error! Marcador no definido.
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	¡Error! Marcador no definido.
VIII. ANEXOS.....	¡Error! Marcador no definido.

INDICE DE CUADROS

Cuadro 1: Primers usados para la identificación de bacterias. **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 2: Condiciones de PCR para la amplificación del gen 16S ARNr en la identificación de bacterias. **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 3: Primers para la identificación de genes de quitinasas. **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 4: Características fenotípicas y pruebas enzimáticas de bacterias degradadoras de quitina coloidal aisladas de la pluma de pota. **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 5: Identificación de las secuencias consensos por dos softwares online. **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 6: Diámetro de la colonia más halo y dimensiones del halo (mm) de bacterias aisladas de la pluma de pota durante 30 días. **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 7: Descripción de los tratamientos considerados en la fermentación discontinua de la quitina de pluma de pota **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 8: Variación de pH y peso final promedio de las muestras de quitina de pluma de pota modificadas biológicamente..... **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 9: Solubilidad de muestras de quitina de pluma de pota con ácido acético 25% y LiCl 5% en N, N-Dimethylformamida **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 10: Actividad enzimática y rendimientos de la cuantificación de quitooligómeros en los tratamientos de la quitina de pluma de pota fermentada.. **¡Error! Marcador no definido.**

Cuadro 11: Concentraciones de la curva calibración usando N-acetilglucosamina 1mg/ml. **¡Error! Marcador no definido.**

INDICE DE FIGURAS

Fig. 1: Resumen de las etiquetas y el número de OTU de la muestra de pluma de pota.	i
Fig. 2: Árbol de anotaciones OTU por GraPhIAn de la pluma de pota.	i
Fig. 3: Árbol de taxonomía de la muestra de pluma de pota.	i
Fig. 4: Monitoreo metagenómico a nivel de géneros en la muestra de pluma de pota mediante la visualización de la pantalla de Krona.	i
Fig. 5: Número de secuencias de los taxones principales en cada rango taxonómico en la muestra de pluma de pota.	i
Fig. 6: Abundancia relativa de los 10 taxones principales por filo en la muestra de pluma de pota.	¡Error! Marcador no definido.
Fig. 7: Abundancia relativa de taxones por clase en la muestra de pluma de pota. .i	i
Fig. 8: Abundancia relativa de taxones por orden en la muestra de pluma de pota. i	i
Fig. 9: Abundancia relativa de taxones por familia en la muestra de pluma de pota.	i
Fig. 10: Abundancia relativa de los principales géneros aislados de la muestra de pluma de pota.	i
Fig. 11: Árbol evolutivo a nivel de género por grupos realizado de la muestra de pluma de pota.	i
Fig. 12: Curva de rarefacción con respecto al número de especies observadas en la muestra de pluma de pota.	i
Fig. 13: Selección y evaluación de bacterias aisladas en medio agar quitina 1%: (9a, 11c, A5) degradación en 4 días, (D145, d1) degradación en 3 días y (A3) degradación en 2 días.	i
Fig. 14: Tinción Gram de bacterias degradadoras de quitina coloidal aisladas de la pluma de pota.	i
Fig. 15: Formación de halos de bacterias degradadoras de quitina coloidal en agar leche descremada.	i
Fig. 16: Corrida de electroforesis de ADN en gel de agarosa al 1% de bacterias degradadoras de quitina coloidal aisladas de la pluma de pota: (M) marcador, C (-) Control negativo, (1- 6) Bacterias degradadoras de quitina coloidal de la pluma de pota.	i

Fig. 17: Árbol filogenético basado en la secuencia del gen 16S ARNr que muestra las relaciones entre las cepas degradadoras de quitina coloidal aisladas de la pluma de pota.i

Fig. 18: Diámetros de las colonias más halo y dimensiones del halo (mm) de bacterias aisladas de la pluma de pota en el último día del experimento.....i

Fig. 19: Electroforesis en gel de agarosa para la identificación del gen ChiA en bacterias degradadoras de quitina coloidal aisladas a partir de la pluma de pota: (L-1kbp) marcador, Control (+), Control (-), *Stenotrophomonas maltophilia*, (d1, D145), *Cellulomonas flavigena* (A3), *Serratia liquefaciens*, (11c y 9a) y *Paenibacillus illinoisensis* (A5).i

Fig. 20: Electroforesis en gel de agarosa para la identificación del gen schiA de enzimas degradadoras de bacterias aisladas a partir de la pluma de pota: (L-1kb) marcador, Control (+), C (-), *Stenotrophomonas maltophilia*, (d1, D145), *Cellulomonas flavigena* (A3), *Serratia liquefaciens*, (11c y 9a) y *Paenibacillus illinoisensis* (A5).i

Fig. 21: Electroforesis en gel de agarosa para la identificación del gen schiB de enzimas degradadoras de bacterias aisladas a partir de la pluma de pota: (L-1kb) marcador, Control (+), C (-), *Stenotrophomonas maltophilia*, (d1, D145), *Cellulomonas flavigena* (A3), *Serratia liquefaciens*, (11c y 9a) y *Paenibacillus illinoisensis* (A5).i

Fig. 22: Electroforesis en gel de agarosa para la identificación del gen schiC de enzimas degradadoras de bacterias aisladas a partir de la pluma de pota: (L-1kbp) marcador, Control (+), Control (*), C (-), *Stenotrophomonas maltophilia*, (d1, D145), *Cellulomonas flavigena* (A3), *Serratia liquefaciens*, (11c y 9a) y *Paenibacillus illinoisensis* (A5).i

Fig. 23: Confrontamiento de bacterias degradadoras de quitina coloidal aisladas de la pluma de pota.....i

Fig. 24: Variación de pH promedio durante la fermentación de la quitina de pluma de pota por diferentes tratamientos a escala de laboratorio.....i

Fig. 25: Pérdida de peso en el último día de degradación de las muestras de quitina tratadas biológicamente.i

Fig. 26: Rendimiento de quito-oligómeros para los diferentes tratamientos de la quitina de pluma de pota a las 24 h..... **¡Error! Marcador no definido.**

Fig. 27: Efecto del tiempo de incubación sobre la concentración de quito-oligómeros generados durante la degradación biológica de la quitina de pluma de pota por los 5 mejores tratamientos. **¡Error! Marcador no definido.**

Fig. 28: Espectro FTIR de la quitina de pluma de pota (*D. gigas*). **¡Error! Marcador no definido.**

Fig. 29. Espectro FTIR del quitosano de pluma de pota (*D. gigas*) **¡Error! Marcador no definido.**

Fig. 30: Comparación de los espectros FTIR de la quitina no modificada y quitinas modificadas biológicamente con bacterias quitinolíticas individualmente. **¡Error! Marcador no definido.**

Fig. 31: Comparación de los espectros FTIR de la quitina no modificada y quitinas modificadas biológicamente con bacterias quitinolíticas en consorcio. **¡Error! Marcador no definido.**

INDICE DE ANEXOS

Anexo 1: Esquema de obtención de quitina y quitosano de pluma de pota ..	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 2: Esquema del protocolo de extracción de ADN para análisis metagenómico	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 3: Obtención de quitina coloidal a partir de la quitina de pluma de pota	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 4: Formación de halos de inhibición de las bacterias seleccionadas en agar quitina coloidal de pluma de pota evaluadas en 30 días.	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 5: Evaluación en las secuencias que producen alineaciones significativas en las bacterias degradadoras de quitina coloidal de pluma de pota	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 6: Procedimiento de la degradación de la quitina de pluma de pota y medición de pH.....	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 7: Cuantificación de quito-oligómeros en muestras de quitina de pluma de pota modificadas biológicamente	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 8: Muestras de quitina de pluma de pota modificadas biológicamente por bacterias degradadoras de quitina	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 9: Pruebas de solubilidad para las muestras de quitina de pluma de pota modificadas biológicamente	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 10: Espectroscopia Infrarroja de muestras de quitina de pluma de pota modificadas biológicamente	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 11: Información y resultados de otras investigaciones	¡Error! Marcador no definido.
Anexo 12: Espectros infrarrojos de otras investigaciones	¡Error! Marcador no definido.

RESUMEN

La pluma de pota es un residuo de alto valor por contener β -quitina en su estructura, de la cual se puede obtener diversos metabolitos. El objetivo de la presente investigación fue caracterizar molecularmente bacterias degradadoras de quitina de pluma de *Dosicidus gigas* utilizadas en la producción de metabolitos. Se realizó un análisis de metagenómica a la pluma de pota. Las bacterias fueron obtenidas del residuo de la pluma de pota y seleccionadas en agar quitina coloidal 1%. La identificación molecular de las bacterias se realizó mediante PCR del gen 16S ARNr, y los productos fueron secuenciados e identificados utilizando la base de datos del BLAST (NCBI) y EzBioCloud. Se identificaron 6 bacterias de las especies *Serratia liquefaciens*, *Celullomonas flavigena*, *Stenotrophomonas maltophilia* y *Paenibacillus illinoisensis*. Se evaluó la eficiencia y el tamaño de halos de hidrolisis en agar quitina coloidal 1%, siendo *C. flavigena* la más eficiente y la que presentó mayor halo de hidrolisis seguida de *P. illinoisensis*, ambas cepas fueron las únicas en producir amilasas. *S. maltophilia* presentó la mejor actividad lipolítica y amilolítica en comparación con las demás cepas. Mediante PCR end point se identificó la presencia de los genes *chiA*, *schiA*, *schiB* y *schiC*, que codifican para quitinasas. *S. liquefaciens* presentó el gen *ChiA*. Los genes *schiB* y *schiC* fueron identificados en *S. maltophilia*. *P. illinoisensis* sólo presentó el gen *schiC*, mientras que *C. flavigena* no presentó los genes evaluados. Entre los once tratamientos considerados en la degradación de la quitina de pluma de pota para la obtención de metabolitos el tratamiento individual con *Paenibacillus illinoisensis* (0.156 $\mu\text{mol}/\text{min}$) presentó la máxima actividad quitinasa y producción de quito-oligómeros a las 24 h de evaluación a un pH 6.20. Los espectros analizados por FTIR demostraron que la quitina fue parcialmente modificada por la actividad enzimática de las bacterias seleccionadas.

Palabras claves: Análisis metagenómico, bacterias quitinolíticas, quitina de pluma de pota, quitinasas, metabolitos.

ABSTRACT

The squid pen is a high value residue because it contains β -chitin in its structure, from which various metabolites can be obtained. The objective of this research was to molecularly characterize the chitin-degrading bacteria of *Dosicidus gigas* pen used in the production of metabolites. A metagenomic analysis was performed on the squid plume. The bacteria were obtained from the squid pen residue and selected in 1% colloidal chitin agar. The molecular identification of the bacteria was performed by PCR of the 16S rRNA gene, and the products were sequenced and identified using the BLAST database (NCBI) and EzBioCloud. Six bacteria of the species *Serratia liquefaciens*, *Cellulomonas flavigena*, *Stenotrophomonas maltophilia* and *Paenibacillus illinoisensis* were identified. The efficiency and size of hydrolysis halos in 1% colloidal chitin agar were evaluated, with *C. flavigena* being the most efficient and the one with the highest hydrolysis halo followed by *P. illinoisensis*, both strains being the only ones to produce amylases. *S. maltophilia* presented the best lipolytic and amylolytic activity compared to the other strains. The presence of *chiA*, *schiA*, *schiB* and *schiC* genes, which code for chitinases, was identified by end point PCR. *S. liquefaciens* presented the *ChiA* gene. The *schiB* and *schiC* genes were identified in *S. maltophilia*. *P. illinoisensis* only presented the *schiC* gene, while *C. flavigena* did not present the evaluated genes. Among the eleven treatments considered in the degradation of squid feather chitin to obtain metabolites, the individual treatment with *Paenibacillus illinoisensis* (0.156 $\mu\text{mol}/\text{min}$) presented the maximum chitinase activity and production of chito-oligomers at 24 h of evaluation at a pH 6.20. The spectra analyzed by FTIR showed that the chitin was partially modified by the enzymatic activity of the selected bacteria.

Keywords: Metagenomic analysis, chitinolytic bacteria, squid pen chitin, chitinases, metabolites.