



Expedição lata-Piuna

Foto: Jamstec

Caracterização da diversidade e potencial biotecnológico de bactérias marinhas de profundidade do Atlântico Sul

Os oceanos cobrem aproximadamente 70% da superfície terrestre, incluindo desde águas e sedimentos estuarinos, até os ambientes profundos.

Micro-organismos de origem marinha desempenham importantes funções ecológicas, como fruto de sua diversidade metabólica e bioquímica, e podem apresentar características distintas dos organismos terrestres, as quais são fruto de sua adaptação ao ambiente marinho. Como exemplo, o oceano profundo caracteriza-se por apresentar condições extremas de pressão elevada, baixa temperatura, ausência de luz e, em grande parte, carência de nutrientes. Apesar disto, podem ser encontrados micro-organismos adaptados a estas condições, os quais têm se tornado um excelente reservatório para a prospecção de novas moléculas com aplicação biotecnológica (enzimas, bioativos, polímeros, pigmentos, etc). Entretanto, grande parte desta diversidade ainda é desconhecida, devido à dificuldade de acesso aos ambientes marinhos mais afastados e profundos, bem como as restrições quanto ao cultivo microbiano em laboratório.

A fim de reduzir esta lacuna, o grupo de Genética Molecular Aplicada da UNIVALI associou-se à iniciativa South Atlantic Mar-Eco e demais parceiros (USP/ESALQ, USP/IO, UFRGS, UFSC, LNBio, JAMSTEC) e, hoje, possui uma das maiores coleções de bac-

térias marinhas de profundidade (n=700). Estes organismos foram isolados a partir de amostras de água, sedimento e associadas a animais marinhos (moluscos, crustáceos, cnidários) coletadas entre 600 e 6.000m de profundidade.

Para acessar este material, pesquisadores do grupo integraram equipes em quatro expedições oceanográficas, as quais percorreram juntas aproximadamente 15.000 milhas náuticas em três meses de navegação. Na última expedição, em 2013, a bordo do Navio Japonês Yokosuka (JAMSTEC), os pesquisadores utilizaram o submersível tripulado Shinkai 6500 para a coleta de amostras até 4.200m de profundidade.

Uma vez isoladas, as bactérias foram identificadas por métodos moleculares, bem como caracterizadas quanto ao seu potencial biotecnológico. Dentre aproximadamente 200 organismos já identificados, sugere-se que alguns destes sejam novas espécies.

Quanto aos organismos ativos, no que se refere ao potencial industrial, verificou-se a produção de enzimas hidrolíticas (celulases, lipases, proteases e amilases), biopolímero (polihidroxialcanoatos), bioativos, pigmentos e sideróforos.

Entre os organismos mais promissores, três foram selecionados e seus genomas sequenciados/ anotados - *Bacillus stratosphericus*, *Marinobacter excellens* e *Erythrobac-*

ter citreus. A partir destas informações, dez genes (lipases, glucosidases, lignocelulases e proteases) foram clonados e, parte deles (lipase, endoglucanase e galactosidase) já foram expressos ativamente em *Escherichia coli*. Verificou-se, ainda, que as bactérias apresentam potencial para a produção de biopolímeros a partir de glicerol residual da produção de biodiesel. A fim de acessar a fração não cultivável do microbioma marinho e, assim ampliar o conhecimento acerca de sua importância e relevância industrial, a equipe tem empregado análises metagenômicas. Neste contexto, as duas primeiras amostras (sedimento, trato digestivo de um gastrópode) associadas a carcaça de uma baleia em decomposição, permitiram revelar a peculiaridade do ecossistema rico em Epsilonproteobacteria e a existência de inúmeros potenciais de novos genes.

Assim, estratégias de metagenômica prospectiva estão sendo realizadas e cerca de 20 genes de hidrolases em processo de clonagem/expressão. Por fim, o grupo objetiva avançar na caracterização do acervo quanto ao papel ecológico e aplicação em biotecnologia, o que contribuirá para o conhecimento da diversidade bacteriana marinha no Atlântico Sul e o desenvolvimento de produtos e processos biotecnológicos marinhos.

Texto: Dr. André Oliveira de Souza Lima (UNIVALI)