

ANALISES GENÔMICAS E VALIDAÇÃO FUNCIONAL DO ISOLADO LMA-LAPM94 PARA BIORREMEDIAÇÃO DE ÁREAS CONTAMINADAS POR HIDROCARBONETOS POLICÍCLICOS AROMÁTICOS

Irvin Bryan Machado Ferraz¹
Davi Melo Gouthier de Oliveira²
Yuri Rocha Melo³
Vera Lúcia dos Santos⁴

RESUMO

A contaminação ambiental por hidrocarbonetos, em especial os Hidrocarbonetos Policíclicos Aromáticos (HPAs), muitas vezes provenientes de óleos e graxas de equipamentos representa um desafio global devido à sua persistência e toxicidade. Estratégias de biorremediação que utilizam microrganismos nativos de áreas impactadas surgem como uma alternativa sustentável, uma vez que essas linhagens podem estar adaptadas para degradar esses poluentes. Este trabalho buscou avaliar o potencial do isolado LMA-LAPM94, na biorremediação de HPAs, combinando ensaios fenotípicos de degradação e produção de biossurfactantes com análises genômicas. O isolado proveniente de região contaminada por hidrocarbonetos foi testado em ensaios de degradação de hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPAs) por cultivo em meio de cultura contendo creosoto como fonte de carbono e analisado após 21 dias as moléculas restantes em cromatógrafo a gás. A produção de biossurfactantes foi analisada pelo índice de emulsificação (E24) e atividade surfactante, em tensiômetro KRÜSS. O isolado teve o DNA total extraído e sequenciado em Illumina, a montagem foi realizada com auxílio do BV-BRC. O perfil genômico foi analisado no BlastKOALA e RAST e revelou um repertório enzimático completo para a degradação de hidrocarbonetos complexos. Foi

¹ Graduado pelo Curso de Biotecnologia da Universidade de Brasília - UnB, doutorando no PPG do Departamento de Microbiologia da UFMG, bryanmachadoferraz@yahoo.com.br;;

² Graduando do Curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais - UFMG, davigouthier@email.com;

³ Graduando do Curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais - UFMG, yuri.r.mello@gmail.com;

⁴ Professora associada ao Departamento de Microbiologia do ICB - Universidade Federal de Minas Gerais - UFMG, verabio@gmail.com;



detectado o conjunto completo de genes dos operons: lig e pca, que codificam as enzimas da via do protocatecuato, uma rota central para a degradação de HPAs; operons ben (via do benzeno/catecol) e paa (via do ácido fenilacético), conferindo capacidade adicional para degradar uma ampla gama de aromáticos simples, como o estireno; presença do gene alkB, indicando degradação de alcanos; enzimas para vias alternativas de aromáticos (hmgA, hcaE); metabolismo de nitrogênio (guaA,B) e mecanismos de resistência a estresses, incluindo desintoxicação (gst, catC); metabolismo de ácidos graxos operon fad; e genes de produção de biossurfactantes, fadD (Trehalolipídeos) e rhlB (rhamnolipídios). Através do TYGS e IQ-TREE2 foi possível fazer a árvore filogenômica e identificar o isolado como *Alcaligenes phenolicus*. O Proksee foi utilizado para visualizar o mapa de genoma circular comparativo, demonstrando genes únicos do isolado frente a outros da mesma espécie. Apresentou bons resultados para atividade emulsificante e surfactante: 72,22% E(24) e 28,66 mN/m de tensão superficial. Dentre os 70 HPAs identificados no creosoto, o isolado degradou completamente 43 e apenas 10 não apresentaram degradação. Os resultados demonstram potencial da bactéria em produção de biossurfactantes e biorremediação de áreas contaminadas por HPAs.

Palavras-chave: Biorremediação, Genômica comparativa, Biossurfactante, HPAs, *Alcaligenes phenolicus*.