

Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



Prospecção molecular de genes da via de fixação biológica de nitrogênio e avaliação dos teores de nitrogênio fixado em linhagens de cianobactérias: uma abordagem biotecnológica

Thamires Emídio Sateles¹ (thamires.sateles@ufv.br), Wagner Luiz Araújo¹ (wlaraujo@ufv.br), Allan Victor Martins Almeida¹ (allanvma@gmail.com), Jean Coutinho Oder¹ (jean.oder@ufv.br), Pedro Augusto Marazzo de Sousa¹ (pedro.marazzo@ufv.br).

¹Laboratório de Ficologia e Biologia Molecular, Unidade de Crescimento de Plantas, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.

Palavras-Chave: Cianobactérias, nitrogênio, filogenia.

Categoria do trabalho: Pesquisa. Área de conhecimento: Ciências Biológicas e da Saúde. Área temática: Botânica

Introdução

As cianobactérias (filo *Cyanobacteriota*), são micro-organismos procariotos gram-negativos, pertencentes ao Domínio *Bacteria* e amplamente distribuídos em termos geográficos, apresentando adaptações para colonizar os mais diversos habitats. Em função da sua grande diversidade metabólica e requerimentos nutricionais relativamente simples, a utilização de cianobactérias para aplicações diversas vem se tornando viável. Podemos destacar a produção de biomassa para biocombustíveis, fertilizantes e outros bioprodutos.

Objetivos

Esse trabalho buscou caracterizar o potencial genético de realização da fixação biológica de nitrogênio (FBN), por meio da prospecção molecular (PCR e sequenciamento) dos genes *nifD* e *nifH* em 31 linhagens pertencentes a Coleção de Cianobactérias e Microalgas da UFV (CCM-UFV). Além disso, também foi avaliado a capacidade de produção de biomassa em meios de cultivo sem fontes disponíveis de nitrogênio em três linhagens capazes de realizar FBN, também pertencentes a coleção.

Material e Métodos

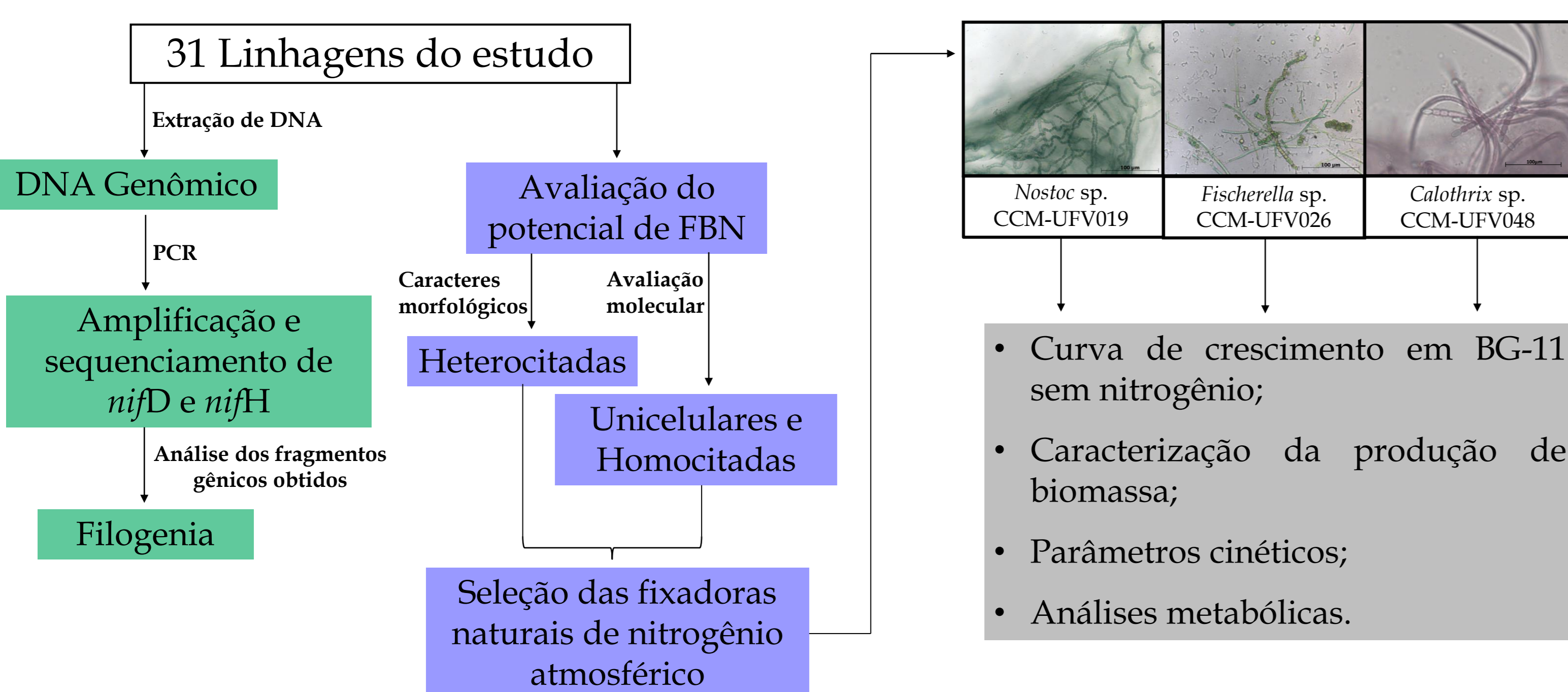


Figura 1. Fluxo esquemático das etapas desenvolvidas durante o estudo.

Resultados e Discussão

A filogenia mostrou padrões semelhantes nos genes *nifH* e *nifD*, mas com maior variação topológica no *nifD*.

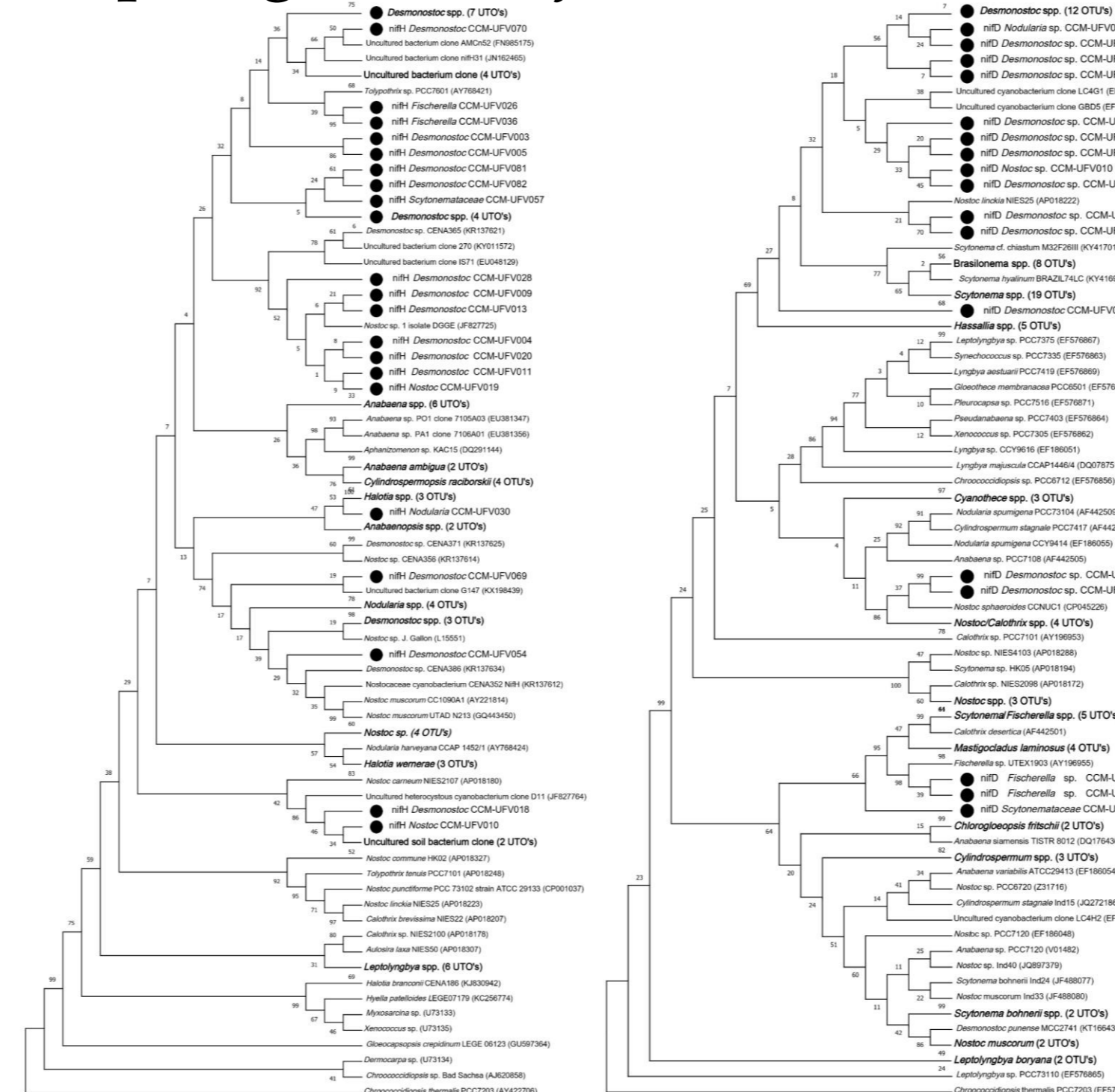


Figura 2. Reconstrução filogenética realizada com base no método de máxima verossimilhança. As sequências *nifD* e *nifH* obtidas nesse estudo estão destacadas com um círculo preto.

Linhagens (CCM-UFV)	μ (max)	Biomassa diária (mg/mL/d)	Biomassa total (mg/mL)	Biomassa LC (mg/mL)
CCM-UFV 019	0,2186	0,0654	0,916	0,756
CCM-UFV 026	0,2475	0,0673	0,943	0,66
CCM-UFV 048	0,25	0,0966	1,353	1,1

Tabela 1. Variação natural no crescimento, parâmetros cinéticos e produção de biomassa entre as linhagens de *Desmonostoc* utilizadas para crescimento e análise metabólica.

Além disso, a linhagem *Calothrix* sp. CCM-UFV048 teve o crescimento exponencial mais curto, mas apresentou a maior taxa de crescimento e produtividade. Os resultados metabólicos foram semelhantes entre as linhagens mostrando uma variação natural entre os gêneros da ordem Nostocales.

Conclusões

Os resultados reforçam as hipóteses da evolução dos “genes da nitrogenase” (*nifD* e *nifH*), destacando seu potencial como marcadores moleculares para definir gêneros. Ademais, a linhagem *Calothrix* sp. CCM-UFV048 apresentou potencial promissor para cultivo em grande escala e futuras aplicações biotecnológicas.

Bibliografia

- Esteves-Ferreira. *et al.* (2017). Cyanobacterial nitrogenases: Phylogenetic diversity, regulation and functional predictions. *Genet. Mol. Biol.* 40:261–75.
- Zehr, J.P. *et al.* (1997). Phylogeny of cyanobacterial {*nifH*} genes: evolutionary implications and potential applications to natural assemblages. *Microbiology.* 143:1443–50.
- Roeselers, G. *et al.* 2007. Development of a PCR for the detection and identification of cyanobacterial *nifD* genes. *J. Microbiol. Methods.* 70:550–6.

Agradecimentos

Agradeço a todos da Unidade de Crescimento de Plantas (UCP), sobretudo o grupo da Ficologia, em especial ao Jean Oder e ao Allan Victor por todo apoio.

