

Simpósio de Integração Acadêmica





Prospecção molecular de genes da via de metabolização do arsênio em cianobactérias nativas isoladas de ambientes distintos

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).

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, arsênio, filogenia.

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

Introdução

As cianobactérias (filo *Cyanobacteriota*), são micro-organismos gram-negativos capazes de fazer fotossíntese oxigênica e apresentam uma grande diversidade genética e fisiológica. Elas habitam uma ampla variedade de ambientes, incluindo locais contaminados por metais pesados como o arsênio (As), como corpos de água provenientes de resíduos de mineração. Estudos mostram que as cianobactérias desempenham um papel no ciclo biogeoquímico do As, podendo crescer e metabolizar esses contaminantes, com respostas fisiológicas, bioquímicas e genômicas envolvidas na adaptação ao estresse causado pelo As.

Objetivos

A proposta visa caracterizar o potencial genético de metabolizar arsenito em seis linhagens da Coleção de Cianobactérias e Microalgas da UFV (CCM-UFV) por meio de técnicas de prospecção molecular. Além disso, foram analisados os genes *ars*B e *ars*M e os efeitos do arsenito no metabolismo primário das linhagens. Os resultados serão usados para selecionar linhagens com potencial para biorremediação.

Material e Métodos

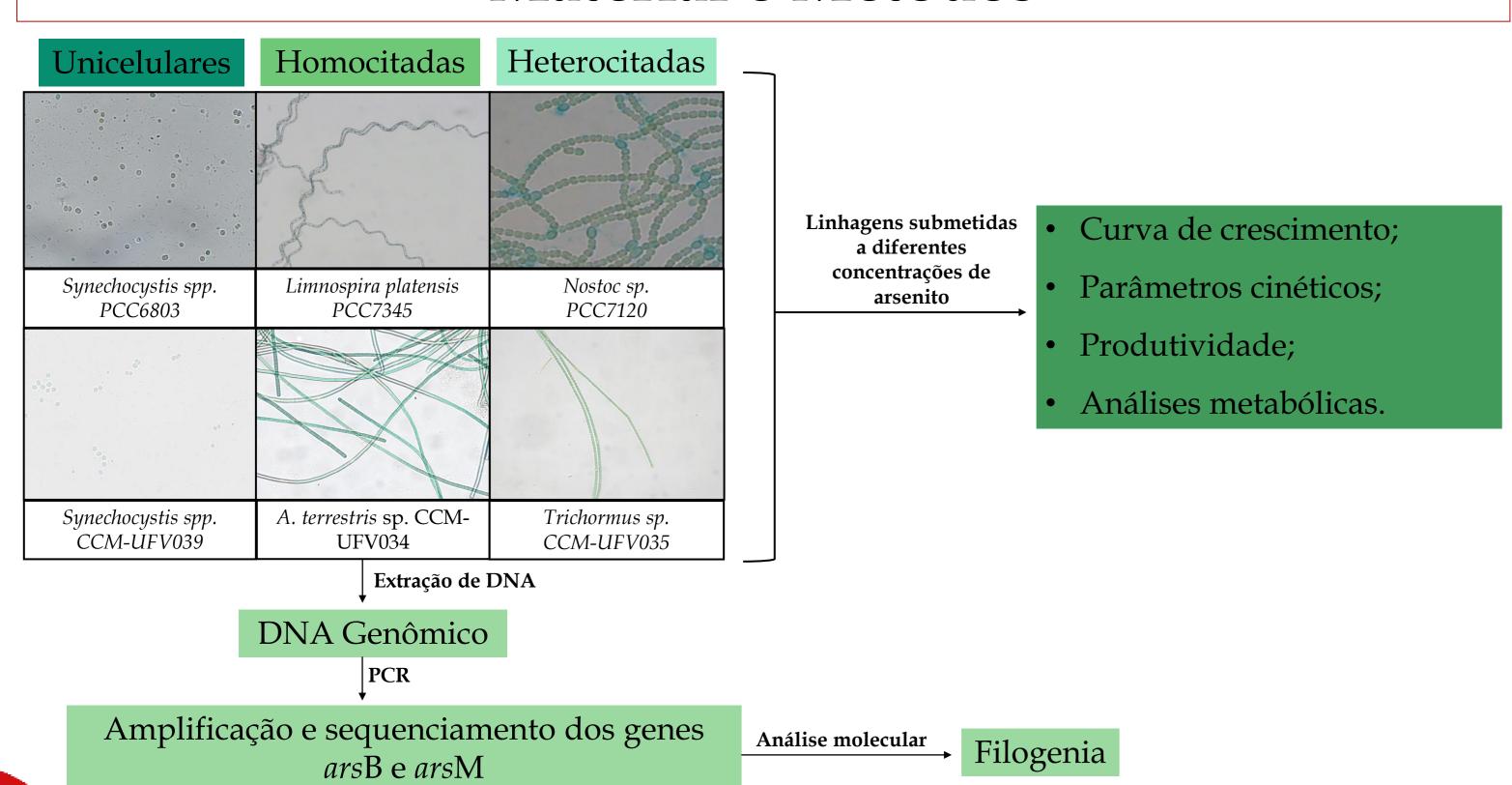


Figura 1. Fluxo esquemático das etapas desenvolvidas durante o estudo.

Apoio financeiro







Resultados e Discussão

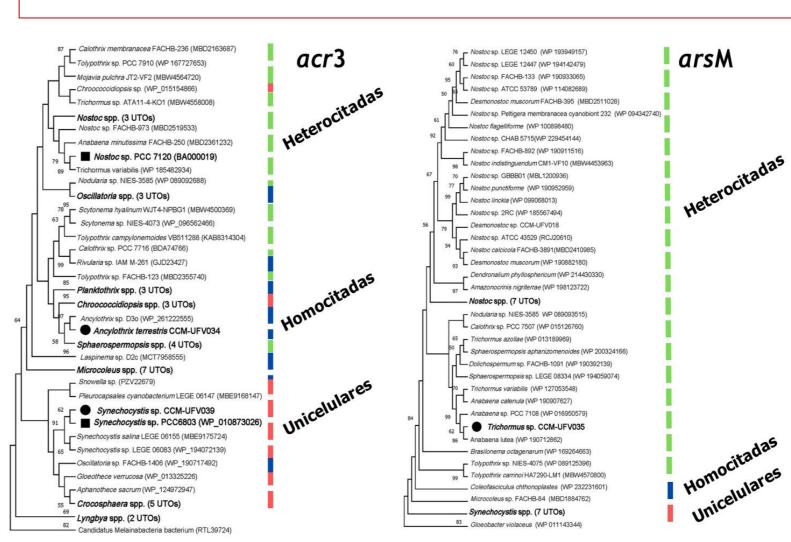


Figura 2. Reconstrução filogenética realizada com base no método de máxima verossimilhança. As sequências *acr3 ars*M obtidas nesse estudo estão destacadas com um círculo preto. Foi realizado o teste de bootstrap com 1.000 reamostragens e valores de >50% estão descritos na frente dos nós relevantes.

Os resultados incluem o sequenciamento dos genes *acr*3, gene com mesma função, porém estruturalmente diferente do *ars*B e também o gene *ars*M. Foi observado uma topologia diferente para o gene *acr*3 em comparação com a sistemática tradicional, provavelmente pela ocorrência de processos de deleção e reaquisição genica nas cianobactérias.

Com relação ao gene *ars*M notou-se uma evolução congruente com a diversificação dos grupos de cianobactérias. Nas análises metabólicas, foram observadas variações nos conteúdos de pigmentos, proteínas, aminoácidos e glicogênio entre as linhagens e fases de crescimento. A presença de arsenito afetou a mobilização proteica e o metabolismo de reservas, especialmente em linhagens heterocitadas na fase estacionária.

Conclusões

A maior variação na topologia do gene *acr*3 em comparação ao gene *ars*M, quando analisado os diferentes morfotipos, pode ser explicada por sua ambiguidade funcional. Também foi possível observar efeitos do arsenito sobre o metabolismo desses indivíduos, como o acúmulo de reservas e a mobilização proteíca.

Bibliografia

Jackson, C.R. *et al.* (2003). Phylogenetic analysis of bacterial and archaeal arsC gene sequences suggests an ancient, common origin for arsenate reductase. BMC Evol. Biol. 3, 1–10. doi.org/10.1186/1471-2148-3-18;

Achour, A. R. *et al* (2007). Diversity of arsenite transporter genes from arsenic-resistant soil bacteria. *Research in Microbiology*, 158(2), 128–137. doi.org/10.1016/j.resmic.2006.11.006

Bhattacharya, P., *et al* (2011). Response of cyanobacteria to arsenic toxicity. J. Appl. Phycol. 23, 293–299. doi.org/10.1007/s10811-010-9617-4

Agradecimentos

Agradeço ao grupo da Ficologia, em especial ao Allan e ao Jean. Ao meu orientador, Wagner Araújo e a todos os membros da Unidade de Crescimento de Plantas (UCP) pelo apoio.