

METAGENÔMICA: DIVERSIDADE BIOLÓGICA E POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO REVELADOS A PARTIR DO MAR DE SARGAÇO

Lucymara Fassarela Agnez-Lima

Departamento de Biologia Celular e Genética, Centro de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN), Natal-RN. lfagnez@ufrnet.br

Os microrganismos apresentam uma imensa diversidade genética e desempenham funções únicas e cruciais na manutenção de ecossistemas, como componentes fundamentais de cadeias alimentares e ciclos biogeoquímicos da Terra. Estima-se que o número total de células procarióticas no planeta esteja em torno de 4 a 6×10^{30} . Muito do que conhecemos sobre a biologia microbiana é devida a utilização de métodos de cultivo celular. No entanto, metodologias baseadas em cultivo não alcançam a diversidade total das amostras ambientais uma vez que mais de 99% da diversidade microbiana não é passível de cultivo pelos métodos clássicos, estando inacessível para pesquisa básica e aplicação biotecnológica. Esse problema vem sendo contornado com o advento das técnicas de metagenômica, as quais vêm permitindo analisar DNA extraído de amostras ambientais (eDNA - *Environmental DNA*), através de métodos de seleção funcional ou seqüenciamento total, o que possibilita a caracterização do pool genético de amostras ambientais. O termo metagenoma é derivado do conceito estatístico de meta-análise (o processo de combinar estatisticamente análises separadas) e genômica (a análise ampla do material genético de um organismo). Em linhas gerais a estratégia se baseia na extração de DNA de amostras ambientais, fragmentação aleatória, clonagem e seqüenciamento. O estudo de metagenomas consiste ainda de uma diversidade de análises complementares sobre determinado ambiente do qual tenham sido extraídas amostras de DNA ou RNA. Esta técnica tem a vantagem de permitir a amostragem de bactérias e outros microorganismos incapazes de crescer em cultura, permitindo avaliar um potencial biotecnológico ainda desconhecido. A popularização dos estudos em metagenômica se deu a partir do trabalho de Venter e colaboradores (2004), realizado com amostras coletadas no Mar de Sargaço, localizado ao redor de Bermuda no Atlântico Norte. Neste trabalho, o eDNA obtido foi submetido ao seqüenciamento por *shotgun* revelando a existência de cerca de 1,2 milhões de genes e 1800 espécies de bactérias diferentes, superando significativamente as expectativas iniciais. Depois desse trabalho, diferentes tipos de amostras ambientais vêm sendo analisadas em vários locais do mundo. Recentemente, o mesmo grupo de pesquisa publicou um artigo que descreve o seqüenciamento de mais de 6 bilhões de pares de base de DNA (duas vezes o genoma humano) e a identificação de mais de 6 milhões de proteínas diferentes. Assim, a metagenômica é a mais avançada estratégia molecular usada para estudos de microrganismos ambientais. Ela permite obter conhecimento quanto: a avaliação da biodiversidade de uma amostra, proporcionando a obtenção de seqüências representativas de muitos organismos diferentes simultaneamente; a complexidade metabólica presente na amostra; a ecologia molecular de populações de microrganismos bem como de sua evolução; a obtenção de genoma completo de espécies bacterianas individuais; a biotecnologia, sendo possível obter enzimas e metabólitos com novas propriedades de interesse industrial. Outra aplicação biotecnológica é o desenvolvimento de estratégias de monitoramento e biorremediação de impacto ambiental. Assim, o estudo da diversidade microbiana se tornou uma das linhas de pesquisa mais relevantes, não somente por seu papel no conhecimento da função, estrutura e evolução das populações que compõem uma comunidade de bactérias, mas também como fonte importante de pesquisas médicas e biotecnológicas. Neste contexto, a Rede Metagenoma-NE vem trabalhando com diferentes amostras ambientais, visando a identificação da biodiversidade microbiana de diferentes biomas da Região Nordeste e a identificação e caracterização funcional de genes com potencial biotecnológico. Testes de seleção funcional em bibliotecas de metagenoma foram padronizados e vários clones foram identificados com funções de interesse como: resistência a agentes mutagênicos, a salinidade e metais, degradação de hidrocarbonetos, produção de surfactantes e biopolímeros. Estes clones estão sendo subclonados em vetores de expressão e as proteínas purificadas para caracterização funcional. Em paralelo foram geradas mais de 80 mil seqüências por piroseqüenciamento para oito amostras ambientais, cujas análises indicam a presença de uma rica biodiversidade em espécies e metabólica.

Apoio financeiro: CNPq