



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA

Autorizada pelo Decreto Federal nº 77.496 de 27/04/76

Recredenciamento pelo Decreto nº 17.228 de 25/11/2016



PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO

COORDENAÇÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA

**XXVII SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UEFS
SEMANA NACIONAL DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA - 2023**

**METAGENÔMICA COMPARATIVA NA BAIÁ DE ARATU, CANDEIAS,
BAHIA**

Ericca Lobo¹; Eddy Oliveira²; Matheus Santiago³; Carolina de Santana⁴

1. Bolsista PIBIC/CNPq, Graduando em Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail:

ericcalobo@gmail.com

2. Orientador, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail:

eddyfo@uefs.br

3. Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-

mail: matheusuefs@hotmail.com

4. Pós-doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução, Universidade Estadual de Feira de

Santana, e-mail: cal.uefsbio@yahoo.com.br

PALAVRAS-CHAVE: Microbiologia, biodiversidade, contaminação.

INTRODUÇÃO

A Baía de Aratu é um pequeno e importante componente do sistema estuarino da Baía de Todos os Santos (BTS). A expressiva concentração industrial e portuária tem gerado diversos efeitos econômicos e socioambientais. As principais causas de impactos negativos são derramamento de óleo oriundo da indústria petrolífera, descarte de resíduos com metais pesados das atividades de mineração, disposição inadequada de resíduos domésticos e industriais, supressão de manguezais, além da pesca predatória.

A intensa atividades portuária e o grande centro industrial existentes no entorno da Baía de Aratu comprometem a qualidade da água, dos manguezais e do substrato de fundo da baía. Além da carga poluidora lançada pelos rios afluentes, os ambientes portuários e seu entorno são altamente dinâmicos e focos de bioinvasão marinha provenientes de movimentação da indústria naval.

O objetivo deste estudo foi caracterizar *in silico* a biodiversidade a partir da metagenômica comparativa da comunidade microbiana de águas e sedimentos na baía de

Aratu, Candeias e identificar o perfil metabólico associado de contaminantes ambientais e bioinvasão.

MATERIAL E MÉTODOS

Para levantamento dos estudos, foram utilizados os seguintes critérios de inclusão: 1) Os artigos presentes no banco de dados PUBMED, MEDLINE e Google Acadêmico sobre biodiversidade da região da BTS e Aratu; 2) Os estudos não publicados, mas disponibilizados como dissertações e teses e; 3) Os resultados preliminares do grupo de estudo do LAMASP (Laboratório de Microbiologia Ambiental e Saúde Pública) sobre a biodiversidade da Baía de Aratu.

As amostras ambientais de água analisadas pelo LAMASP foram em coletadas a partir de um equipamento de filtração automático em membranas filtrantes (Nitrato de celulose 0.45µm, 47mm, Sartorius Biotech). As amostras de sedimentos de manguezais da baía de Aratu foram coletadas em criotubos de 4,5 mL. O DNA das amostras de água e sedimentos foram extraídos em extrator automático de ácidos nucleicos LOCCUS Extracta32. O DNA extraído atingiu valores para concentração e grau de pureza exigidos pelo protocolo para sequenciamento NGS, que são de 3 a 5 µg de DNA puro em uma concentração mínima de 50 ng/µl em tampão TE, e razão OD 260 nm/280 nm de absorbância de aproximadamente 1.8 medidos em espectrofotômetro Nanodrop™. Os resultados obtidos para o material genético das amostras foram enviadas para sequenciamento de nova geração (NGS) do fragmento do gene 16S rRNA em uma empresa especializada (Neopropecta Biotecnologia – Florianópolis – SC). As análises de dados foram realizadas pela plataforma web para análises reprodutíveis de bioinformática Galaxy (<https://usegalaxy.org/>).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A busca por estudos sobre comunidades microbianas da região de Aratu, foram encontrados dois estudos (Pereira, 2008 – EST1; Santos, 2020 – EST2) e comparados com os resultados da amostra LAMASP (LAM) em 2023. Os resultados em todos os períodos mostraram que a região da baía de Aratu contém graus variados de poluição e contaminação ambiental. Os perfis taxonômicos comparativos dos três mostraram que os filos Proteobacteria (Deltaproteobacteria, Gammaproteobacteria e Alphaproteobacteria) foram os mais representativos (Figura 1).

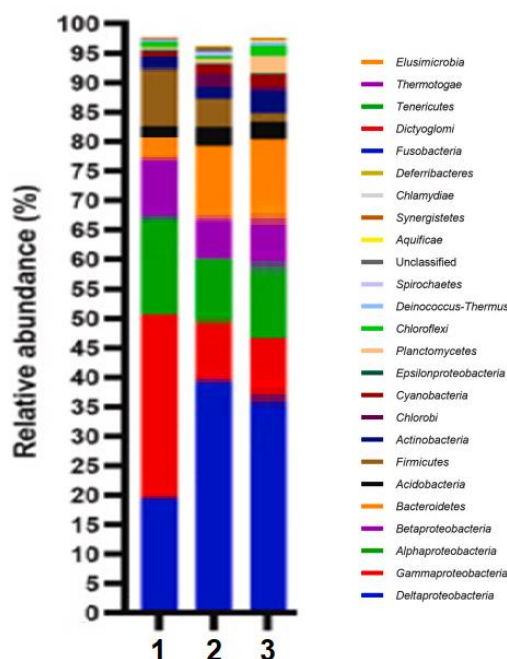


Figura 1. A composição das comunidades microbianas dos estudos na região de Aratu por nível do filo 1. LAM 2023; 2. EST-1 2008 e 3. EST-2 2020.

Quanto aos perfis taxonômicos dos microrganismos encontrados nos estudos da área de Aratu com a predominância dos filos Proteobacteria, Acidobacteria, Firmicutes e Bacteroidetes sugerem a influência de poluentes orgânicos oriundos do petróleo, HPAs, BTEX e genes de resistência a metais pesados.

A diversidade dos grupos relacionados ao ciclo do enxofre como a classe Deltaproteobacteria, representada pelas ordens Desulfobacterales e Desulfovibrionales, é o grupo prevalente na redução do sulfato, e as classes Gammaproteobacteria e Betaproteobacteria atuam na oxidação do enxofre (sulphur-oxidising - SOB). Desse modo, estes resultados evidenciam que a microbiota nas áreas de Aratu responde à contaminação, tendo uma alta frequência de bactérias Redutoras de Sulfato (SRBs) e bactérias oxidantes de enxofre (SOBs).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Neste estudo *in silico* foram comparados perfis taxonômicos de comunidades microbianas presentes na área de Aratu em diferentes períodos (2008; 2020 e 2023). A abundância evidencia uma contaminação crônica da baía de Aratu por metais pesados e outros contaminantes.

REFERÊNCIAS

SANTOS, M. V. S. 2020. Geoquímica e microbioma de sedimentos de manguezal da Baía de Todos os Santos impactado por metais em área de refino de petróleo. Universidade Federal da Bahia, Salvador, Tese.

PAES, F. A. 2008. Análise de comunidades microbianas de solo de manguezal por T-RFLP e microarranjos de DNA. Instituto de Ciências do Mar, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Dissertação.