DIVERSIDADE TAXONÔMICA DE BACTÉRIAS ISOLADAS DE SOLOS CONTAMINADOS COM PETRÓLEO

Nicoly de Simas (PIBIC), Rosana Machado da Mota, Rafael Mazer Etto, Carolina Weigert Galvão (Orientador), e-mail: cwgalvao@uepg.br

Universidade Estadual de Ponta Grossa/Departamento de Biologia Estrutural, Molecular e Genética.

Ciências Biológicas, Bioquímica, Bioquímica dos Microorganismos

Palavras-Chave: *Bactéria promotora do crescimento vegetal, Petróleo, Biotecnologia, 16S rRNA*

Resumo

Acidentes petrolíferos degradam e comprometem a biodiversidade do solo, exigindo estratégias de remediação ambiental. Diante disso, bactérias promotoras do crescimento vegetal (BPCV) capazes de degradar hidrocarbonetos e auxiliar no desenvolvimento de plantas são ferramentas biotecnológicas promissoras para a fitorremediação assistida por microorganismos. O estudo teve como objetivo identificar taxonomicamente bactérias isoladas de nódulos de leguminosas de uma área contaminada com petróleo, por sequenciamento do gene 16S rRNA e analisadas filogeneticamente. Os resultados revelam a presença de bactérias dos gêneros *Paraburkholderia sp*. e *Bacillus sp*., sugerindo seu potencial biotecnológico.

Introdução

O petróleo, devido à sua alta demanda e aos frequentes derramamentos, causa impactos negativos no solo e na saúde humana (Zhang *et al.*, 2021). Estudos apontam para uma grande diversidade taxonômica e funcional de microrganismos remediadores em solos contaminados por petróleo, destacando-se as BPCV por sua capacidade de auxiliar no processo de fitorremediação com mecanismos que incluem a Fixação Biológica de Nitrogênio (FBN), produção de fitormônios (e.g., auxinas) e a solubilização de fosfato (Eze *et al.*, 2022). O gene 16S rRNA é amplamente utilizado na identificação taxonômica e conclusão filogenética de cepas bacterianas (Silva *et al.*, 2012). Assim, a caracterização da diversidade de isolados obtidos em áreas contaminadas pode indicar bactérias promissoras para aplicação em remediação e agricultura sustentável.

Materiais e Métodos

As cepas bacterianas foram isoladas de nódulos radiculares de leguminosas nativas (*Mimosa oblonga* e *Erythrina crista-galli*) presentes em solo contaminado na REPAR, Araucária/PR. O DNA bacteriano foi extraído e as amostras submetidas a técnica de PCR e amplificação do gene 16S rRNA, utilizando os primers universais 27F e 1492R. Os produtos da PCR foram sequenciados com o reagente BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (AppliedBiosystems) no sequenciador de DNA ABI 3500 (AppliedBiosystems), editados no Geneious v.7.1 (Biomatters) e comparadas no BlastN do NCBI (2025). Por fim, a árvore filogenética foi construída no MEGA v.12.

Resultados e Discussão

A análise filogenética revelou que seis isolados bacterianos (P4N5, P6N10, P15N4, P12N7, P27N4, P27N6) pertencem ao gênero *Paraburkholderia* e um ao gênero *Bacillus* (P7N5), pertencentes aos filos Proteobacteria e Firmicutes, respectivamente. O gênero *Paraburkholderia* é conhecido por estabelecer interações simbióticas com *Mimosa*, associada à fixação biológica de nitrogênio (Souza *et al.,* 2020). Enquanto *Bacillus* apresenta resiliência ambiental e potencial para biorremediação de hidrocarbonetos (Wu *et al.,* 2023).

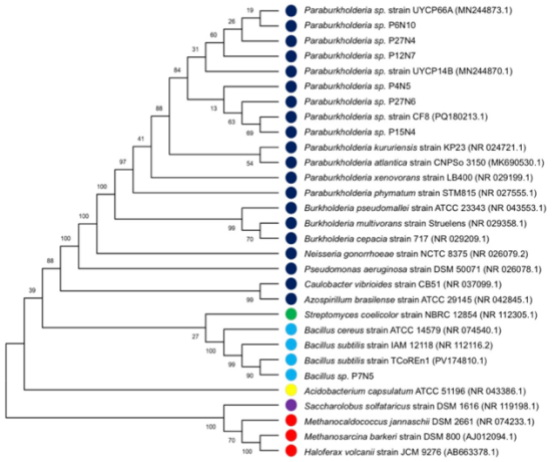


Figura 1. Árvore filogenética baseada em sequências parciais do gene 16S rRNA de rizóbios isolados de nódulos radiculares de *M. oblonga* na área contaminada por petróleo da REPAR construída pelo método de Máxima Verossimilhança (ML) com modelo Tamura-Nei e 1000 repetições de bootstrap utilizando o software Mega. Os isolados são mostrados em conjunto com espécies-tipo do GenBank do NCBI, utilizadas como referência. As cores destacam os diferentes filos bacterianos.

Conclusão ou Conclusões

Foram identificados isolados bacterianos *Paraburkholderia sp*. e *Bacillus sp*. que podem contribuir na remediação de solos contaminados por petróleo.

Agradecimentos

Agradeço ao PROVIC/PIBIC, CNPq, Fundação Araucária e Petrobras pelo fomento, também a minha orientadora e toda equipe do LABMOM da UEPG.

TAMURA, K. *et al.* MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. **Molecular biology and evolution**, v. 28, n. 10, p. 2731-2739, 2011.