



Correlação entre a capacidade de biorremediação em *Pseudomonas putida* e sua estrutura populacional

Sarah Henaut Jacobs¹, Hemanoel Passarelli-Araujo^{1,2}, Thiago Motta Venancio¹

1 - Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, Brazil.

2 - Departamento de Bioquímica e Imunologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brazil

A biorremediação é um processo natural de degradação de compostos tóxicos por microrganismos. *Pseudomonas putida* é uma bactéria metabolicamente diversa encontrada em solos contaminados, raízes de planta e ambientes hospitalares. A capacidade de crescimento de algumas cepas de *P. putida* em diversas fontes de carbono, como hidrocarbonetos aromáticos, torna a espécie uma forte candidata para biorremediação de solos industriais contaminados. Entretanto, embora esta bactéria ocupe vários nichos ecológicos distintos, pouco se sabe sobre a sua estrutura populacional. Neste trabalho, nós buscamos correlacionar a filogenia da espécie *P. putida* à sua capacidade de biorremediação através da presença de genes relacionados à degradação de contaminantes (hidrocarbonetos aromáticos e metais pesados). Para isso, foi realizada uma curadoria de literatura com o propósito de montar um banco de dados com as sequências proteicas dos genes associados à biorremediação descritas para o gênero *Pseudomonas*. As proteínas preditas para os 68 genomas de *P. putida* foram alinhadas a este banco de dados com a ferramenta USEARCH. Nós identificamos que todos os isolados de *P. putida* possuíam genes para a degradação de vários metais pesados como cobre, cobalto, zinco e cádmio. Ademais, quando comparamos a distribuição de genes acessórios associados à biorremediação aos grupos principais de *P. putida*, nós observamos a falta de correlação entre estrutura populacional e o perfil de biorremediação. Nós identificamos uma ilha genômica com todos os genes para a degradação de tolueno, benzeno e *p*-cimeno com uma integrase associada a bacteriófagos. A falta de correlação entre estrutura populacional e genes para a biorremediação assim como a presença de uma integrase próxima a genes-chave de biorremediação indicam um papel importante de transferência horizontal para moldar a evolução dessa bactéria para ocupar novos nichos. Estes resultados elucidam o potencial genético de *P. putida* para a biorremediação de compostos tóxicos, e trazem perspectivas para entender a diversidade genética desta bactéria.