

## ANÁLISE GENÔMICA DE *Burkholderia* sp. CPAA-010: POTENCIAL PARA DEGRADAÇÃO DE HIDROCARBONETOS E APLICAÇÕES EM BIORREMEDIAÇÃO

Claudia Afras de Queiroz<sup>1,2</sup>; Karina Afras de Lima<sup>1,3</sup>; Annie de Souza e Silva<sup>1,2</sup>; Joelma dos Santos Fernandes<sup>1,2</sup>; Rogério Eiji Hanada<sup>2</sup>; Gilvan Ferreira da Silva<sup>1</sup>;

<sup>1</sup> Embrapa Amazônia Ocidental (CPAA), Manaus, AM.

<sup>2</sup> Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA) – Programa de Pós-graduação em Agricultura no Trópico Úmido (PPG-ATU), Manaus, AM.

<sup>3</sup> Universidade Estácio de Sá – ESTÁCIO, Manaus, AM.

E-mail: [gilvan.silva@embrapa.br](mailto:gilvan.silva@embrapa.br)

A contaminação do solo por hidrocarbonetos é uma consequência comum de diversas atividades humanas, incluindo vazamentos de combustíveis, refinamento de petróleo, uso de pesticidas e descarte inadequado de resíduos industriais e agrícolas. Esses poluentes apresentam sérios riscos ao meio ambiente e à saúde humana, sendo sua remoção essencial para a recuperação de áreas degradadas. A biorremediação, que utiliza microrganismos com capacidade de degradar compostos tóxicos, surge como uma alternativa econômica e ambientalmente sustentável em comparação com os métodos convencionais de remediação, que são frequentemente caros e ineficazes a longo prazo. Entre os microrganismos com potencial para a biorremediação, o gênero *Burkholderia* se destaca pela presença de genes que codificam enzimas capazes de degradar hidrocarbonetos. Várias espécies desse gênero têm sido estudadas devido à sua eficiência na metabolização de compostos orgânicos complexos, incluindo hidrocarbonetos alifáticos e aromáticos. O presente estudo teve como objetivo realizar uma análise genômica de uma nova linhagem, *Burkholderia* sp. CPAA-010, para identificar genes relacionados à degradação de hidrocarbonetos e avaliar seu potencial para uso em biorremediação. A análise do genoma de *Burkholderia* sp. CPAA-010 revelou a presença de nove genes que codificam enzimas associadas à degradação de hidrocarbonetos. Entre eles, foi identificado o gene *AlkB*, que codifica uma monooxigenase responsável pela oxidação de alcanos em álcoois e aldeídos, tornando esses compostos mais solúveis em água e, portanto, mais facilmente removidos do ambiente. Além disso, foram identificados dois genes que codificam a enzima catecol 1,2-dioxigenase, que realiza a clivagem de anéis aromáticos, um gene para a enzima intradiol, envolvida na clivagem de compostos aromáticos, e um gene para homogentisato, que também atua na degradação de hidrocarbonetos aromáticos. Esses genes são de extrema importância para a degradação de hidrocarbonetos presentes em derivados de petróleo. Além desses, o genoma também apresentou dois genes que codificam a enzima catecol 2,3-dioxigenase, responsável por outro mecanismo de clivagem de anéis aromáticos, e dois genes para citocromo P450, uma monooxigenase que oxida uma ampla gama de compostos orgânicos complexos, incluindo hidrocarbonetos policíclicos. A presença desses genes sugere que *Burkholderia* sp. CPAA-010 possui a capacidade de degradar tanto hidrocarbonetos alifáticos quanto aromáticos, sendo um microrganismo versátil para processos de biorremediação. Dada a diversidade de enzimas relacionadas à degradação de hidrocarbonetos presentes no genoma de *Burkholderia* sp. CPAA-010, esta linhagem apresenta um grande potencial biotecnológico. Sua aplicação pode ser explorada tanto na remediação de solos contaminados quanto na produção de biocombustíveis e produtos químicos renováveis. A identificação desses genes oferece novas perspectivas para o desenvolvimento de tecnologias baseadas no uso de microrganismos na recuperação ambiental, contribuindo para práticas agrícolas e industriais mais sustentáveis.

**Palavras-chave:** Biorremediação, Degradação de hidrocarbonetos, Degradação enzimática.

**Apoio:** FAPEAM - POSGRAD 2023/2024, INPA, PROSPAM, CAPES, CNPq.