



# Vida que não acaba mais

Uma nova área de pesquisa, a metagenômica, mostra que o mundo microscópico tem uma biodiversidade sem precedentes, além de um papel importante para a manutenção dos ecossistemas.

Luciana Christante 

**H**á mais micro-organismos entre a terra e os mares do que sonha nossa vã biologia. Com o perdão de William Shakespeare pela paráfrase ao seu clássico pensamento, a frase é a melhor tradução da biodiversidade desse universo – gigantesco, porém desconhecido. Bem, sonhava. Um novo mecanismo de análise genética conhecido como metagenômica está revelando o tamanho desse mundo.

Desde que o holandês Anthony van Leeuwenhoek usou pela primeira vez um microscópio para observar material biológico, em 1674, a Microbiologia classificou cerca de 5 mil espécies de bactérias – muito menos do que se pode esperar de seres que vivem neste planeta, como habitantes originais, há pelo menos 3,5 bilhões de anos.

“A Microbiologia clássica sempre trabalhou focada numa única espécie, cultivada em laboratório”, afirma Dario Abel Palmieri, do Laboratório de Biotecnologia Vegetal da Faculdade de Ciências e Letras da Unesp em Assis. Com a metagenômica, explica, tornou-se possível estudar espécies que não se deixam cultivar em placas de Petri e estufas – a esmagadora maioria.

Em 1g de solo, por exemplo, já foram identificadas geneticamente cerca de 1 milhão de espécies de bactérias, das quais no máximo 1% sobrevivem isoladas e fora de seu habitat. Outra vantagem do método é permitir a análise simultânea do DNA de todos os micro-organismos de uma amostra ambiental, diz o pesquisador.

## Ferramentas poderosas

Trazendo tecnologias avançadas de genômica e bioinformática, a metagenômica vem transformando os laboratórios de Microbiologia nos últimos dez anos. Sua principal ferramenta é o sequenciamento do tipo *shot-gun* (traduzido como “a tiros de cartucheira”), usado pela primeira vez em grande escala pelo geneticista e empresário americano Craig Venter, em 1998 – quando a Celera, seu conglomerado, entrou numa ambiciosa concorrência com o consórcio público que coordenava o Projeto Genoma Humano.

O segredo do *shot-gun sequencing* é bombardear o DNA intensa e aleatoriamente, para depois sequenciar muitos fragmentos curtos ao mesmo tempo, com mais rapidez e menos custo. Depois é preciso remontar o quebra-cabeça para cada espécie, antes de partir para análises mais específicas, gene a gene. As duas etapas são de alta complexidade e seriam impensáveis sem o uso de poderosos algoritmos da bioinformática.

Especialistas estimam que pode haver mais de 10 milhões de espécies de bacté-

rias. Mas eles não parecem preocupados com a classificação taxonômica de tantas novas conhecidas; o que os interessa é a diversidade genética das populações. E ela já é muito superior ao que se imaginava, como demonstrou o próprio Venter com uma expedição científica ao Atlântico Norte entre 2004 e 2006. Nas águas do mar dos Sargaços (no meio do oceano) foram encontradas cerca de 1.800 espécies de micro-organismos, o que resultou na identificação de mais de 1,2 milhão de genes codificadores de proteína – dez vezes mais que o catalogado nas maiores bases de dados de proteínas da época.

## Abundantes e ubíquas

Além de ampliar a compreensão sobre a filogênese das formas primordiais de vida, o instrumental metagenômico vem revelando a importância da microbiota nos ciclos geológicos (carbono e nitrogênio, por exemplo) e no equilíbrio dos ecossistemas, devido a sua abundante e ubíqua presença nos solos, na água, na fauna e na flora. “Podemos conhecer a representação de cada espécie, família ou gênero na população de um determinado ambiente, saber se esta proporção muda ao longo do tempo e em função da ação humana”, explica Eliana Gertrudes de Macedo Lemos, especialista em metagenômica de solos da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Unesp em Jaboticabal.

Também na biotecnologia, a metagenômica traz a possibilidade de acesso a gigantescas bibliotecas de genes, de onde podem sair muitas proteínas e, sobretudo, enzimas com grande potencial na agricultura e na remediação de danos ambientais, por exemplo. “O conjunto genético da microbiota de um ambiente é capaz de revelar quais vias metabólicas estão em ação, se ela está envolvida com processos de ciclagem de um dado nutriente, como nitrogênio e fósforo. Ou se é capaz de degradar poluentes, como petróleo, fertilizantes, metais pesados”, enumera Eliana. As indústrias química, farmacêutica e alimentícia estão atentas às oportunidades que o sequenciamento do genoma coletivo da microbiota, o microbioma, pode abrir num futuro próximo.



Juergen Schompp

## O inóspito reino das arqueas

A metagenômica tem renovado o interesse pelas arqueas, organismos procariotos sobre os quais ainda se sabe muito pouco, porque é muito difícil cultivá-los em laboratório, explica Dario Abel Palmieri, da Unesp em Assis.

Estes seres unicelulares são comumente encontrados em lugares inóspitos – muitos quentes, salinos ou sulfurosos, como os gêiseres (foto). Antigamente eles eram conhecidos como arqueobactérias, quando então pertenciam ao reino Monera, que era o único reino procarioto. Mas a taxonomia mudou. Nos anos 1970, concluiu-se que as arqueas são tão diferentes das bactérias e dos eucariotos que mereciam ter um reino só para si. Atualmente os procariotos são representados pelos reinos Bacteria e Archaea.