

Proteínas Putativas com Domínios Catalíticos Multifuncionais CelAB Oriundo da Expressão Genômica da Bacteriano Simbiótico Viscerais de Invertebrado Marinho Xilotrófico

Fernando Gil Mesquita de Freitas Gonçalves¹, Francisco Alexandre Castro Santos², João Carlos da Costa Assunção³

Resumo. A crescente demanda por alternativas sustentáveis nos setores alimentício, farmacológico e energético tem impulsionado a pesquisa em biomassa lignocelulósica, uma fonte renovável composta por celulose, hemicelulose e lignina. Sua conversão eficiente em biocombustíveis requer tecnologias avançadas, como o uso de microrganismos e enzimas especializadas. Nesse contexto, destaca-se a simbiose entre o molusco *Neoteredo reynei* e a bactéria celulolítica *Teredinibacter turnerae*. Essa relação simbiótica permite a degradação de madeira submersa, graças à produção de enzimas como a CelAB, uma celulase multifuncional com domínios catalíticos e de ligação a carboidratos (CBMs), fundamentais na quebra de fibras lignocelulósicas. Estudos genômicos revelam que *T. turnerae* possui uma diversidade de genes codificadores de glicosil hidrolases e vias biossintéticas como PKS e NRPS, responsáveis por compostos bioativos com aplicações farmacológicas e ecológicas. A CelAB, em particular, apresenta versatilidade catalítica, sendo promissora para bioprocessos industriais. A análise do microbioma branquial de *N. reynei* confirma o papel crucial das bactérias simbióticas na digestão da madeira e na produção de metabólitos secundários. Este artigo de revisão ressalta o potencial biotecnológico dessas enzimas na conversão de biomassa em produtos de alto valor agregado. O estudo da interação simbiótica em ambientes como manguezais brasileiros amplia a compreensão ecológica e evolutiva de *N. reynei*, oferecendo novas perspectivas para a aplicação de enzimas multifuncionais em processos sustentáveis de biorrefinaria.

Palavras-chave: Biocombustíveis. Biomassa Lignocelulósica. Biotecnologia. Glicosídeos Hidrolases. *Teredinibacter turnerae*.

DOI:10.21472/bjbs.v12n27-004

Submitted on:
06/16/2025

Accepted on:
06/20/2025

Published on:
07/23/2025



Open Access
Full Text Article



Putative CelAB Protein with Multifunctional Catalytic Domains Originating from the Genomic Expression of Visceral Symbiotic Bacteria in Marine Xylotrophic Invertebrates

Abstract. The growing demand for sustainable solutions in the food, pharmaceutical, and energy sectors has driven interest in lignocellulosic biomass as a renewable raw material. Its efficient conversion into second-generation biofuels requires advanced technologies, particularly those involving specialized microorganisms and enzymes. In this context, the marine bivalve *Neoteredo reynei* and its symbiotic

¹ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE), Maracanaú, Ceará, Brasil.
E-mail: fernandogilmesquita@gmail.com

² Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE), E-mail: castroalexandrecaastro964@gmail.com

³ Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, Ceará, Brasil. E-mail: joaocarlos@ifce.edu.br

bacterium *Teredinibacter turnerae* represent a promising biological model. This endosymbiotic relationship facilitates the breakdown of submerged wood, largely due to the production of multifunctional enzymes such as CelAB, a glycoside hydrolase with carbohydrate-binding modules (CBMs) that enhance enzymatic efficiency in lignocellulose degradation. Genomic analyses of *T. turnerae* have revealed a wide array of glycosyl hydrolase genes and biosynthetic gene clusters related to PKS and NRPS pathways, which produce bioactive compounds with potential pharmacological and ecological applications. The CelAB enzyme stands out for its catalytic versatility, offering biotechnological potential in biomass valorization. Furthermore, the gill microbiome of *N. reynei* has been shown to be a primary source of hydrolytic enzymes and secondary metabolites, underscoring its ecological significance. This review article highlights the relevance of host-symbiont interactions in lignocellulosic degradation and their potential for industrial application. The exploration of such enzymatic systems contributes to the development of sustainable biorefinery processes, fostering technological innovation and advancing the circular bioeconomy.

Keywords: Biofuels. Biotechnology. Glycoside Hydrolases. Lignocellulosic Biomass. *Teredinibacter turnerae*.

Proteínas Putativas con Dominios Catalíticos Multifuncionales CelAB Derivadas de La Expresión Génica de Bacterias Simbióticas Viscerales de Invertebrados Marinos Xilótrofos

Resumen. La creciente demanda de alternativas sostenibles en los sectores alimentario, farmacológico y energético ha impulsado la investigación sobre la biomasa lignocelulósica, una fuente renovable compuesta por celulosa, hemicelulosa y lignina. Su conversión eficiente en biocombustibles requiere tecnologías avanzadas, como el uso de microorganismos y enzimas especializadas. En este contexto, se destaca la simbiosis entre el molusco *Neoteredo reynei* y la bacteria celulolítica *Teredinibacter turnerae*. Esta relación simbiótica permite la degradación de madera sumergida gracias a la producción de enzimas como CelAB, una celulasa multifuncional con dominios catalíticos y de unión a carbohidratos (CBMs), fundamentales en la ruptura de fibras lignocelulósicas. Estudios genómicos revelan que *T. turnerae* posee una diversidad de genes que codifican glicosil hidrolasas y rutas biosintéticas como PKS y NRPS, responsables de compuestos bioactivos con aplicaciones farmacológicas y ecológicas. CelAB, en particular, presenta una versatilidad catalítica que la hace prometedora para bioprocesos industriales. El análisis del microbioma branquial de *N. reynei* confirma el papel crucial de las bacterias simbióticas en la digestión de la madera y en la producción de metabolitos secundarios. Este artículo de revisión resalta el potencial biotecnológico de estas enzimas en la conversión de biomasa en productos de alto valor agregado. El estudio de la interacción simbiótica en ambientes como los manglares brasileños amplía la comprensión ecológica y evolutiva de *N. reynei*, ofreciendo nuevas perspectivas para la aplicación de enzimas multifuncionales en procesos sostenibles de biorrefinería.

Palabras clave: Biocombustibles. Biomasa Lignocelulósica. Biotecnología. Glicosil Hidrolasas. *Teredinibacter turnerae*.

INTRODUÇÃO

A crescente demanda por novos produtos que visam auxiliar em processos alimentícios, farmacológicos e energéticos são de grande importância mercadológica, social e ambiental. A busca por processos eficientes de manipulação lignocelulósica tem se intensificado nos últimos anos, impulsionada

pela necessidade de desenvolver alternativas sustentáveis para a produção de energia. A biomassa lignocelulósica, composta principalmente por celulose, hemicelulose e lignina, representa uma fonte abundante e renovável de matéria-prima para a geração de biocombustíveis, como etanol de segunda geração e biogás. No entanto, a complexidade estrutural dessa biomassa exige o desenvolvimento de tecnologias avançadas, incluindo o uso de microrganismos e enzimas especializadas, para viabilizar sua conversão eficiente e de baixo custo. (Coelho *et.al.*, 2024; Honório, 2024; Roitman, 2019; Sobrinho-Chemmés, 2013)

Dessa forma, a pesquisa voltada para a manipulação lignocelulósica desempenha um papel crucial na transição para uma matriz energética mais sustentável, alinhando-se à crescente demanda por soluções inovadoras para o setor. Além de reduzir a dependência de combustíveis fósseis, esses avanços promovem o aproveitamento de resíduos agroindustriais, minimizando impactos ambientais e agregando valor a subprodutos antes subutilizados. Assim, o desenvolvimento de processos biotecnológicos eficazes não apenas fortalece a economia circular, mas também impulsiona a inovação tecnológica. (Libório, 2024; Alves et. al., 2023; Harmsen, 2010)

REFERENCIAL TEÓRICO

O molusco *Neoteredo reynei* é um organismo xilotréptico obrigatórios (perfuradores de madeira) e xilotróficos (alimentadores de madeira), onde sua evolução está ligada à relação simbiótica com a bactéria *Teredinibacter turnerae* (ATCC 39867/T 790), uma gammaproteobacterium celulolítica cultivável. Sua coevolução entre o molusco e sua microbiota simbiótica é um fator-chave na sua especialização ecológica como a incorporação de genes bacterianos ao genoma simbiótico, embora não haja transferência direta de genes da bactéria para o hospedeiro, a evolução de mecanismos especializados de interação entre o molusco e suas bactérias foi essencial para o sucesso de *N. reynei*, e a especialização enzimática, a qual é o cerne da discussão deste trabalho, onde elabora-se que, a partir desta relação ecológica simbiótica obrigatória a produção de enzimas como a celulase multifuncional (CelAB) para a degradação de matérias lignocelulósicas, esta ação só é possível pelo fato que a CelAB contém vários dominós catalíticos da família enzimática glicosil hidrolases (GH) e domínios de ligação de carboidratos (*Carbohydrate binding modules* – CBMs). (Gonçalves, *et al.*, 2024; Huang *et al.*, 2024; Naka & Haygood, 2023)

A proteína CelAB, uma proteína identificada no genoma do clado *Teredinidae*, apresenta domínios catalíticos multifuncionais que se tornam particularmente interessantes. Esses domínios indicam um potencial envolvimento em processos metabólicos complexos, como a manipulação de carboidratos estruturais ou a transformação de compostos orgânicos em moléculas biodisponíveis. Além

disso, proteínas multifuncionais têm sido amplamente exploradas devido ao seu papel biotecnológico, principalmente em áreas como biocatalizadores (Gonçalves, *et al.*, 2024; Naka & Haygood, 2023; Ekborg *et al.*, 2007).

A CelAB e outras celulasas geram açúcares a partir da madeira, que servem como fonte de energia para o molusco e para os simbiontes como *T. turnerae* e os metabólitos PKS e NRPS podem evitar a invasão de bactérias oportunistas, preservando a relação simbiótica entre *T. turnerae* e o *N. reynei*. (Li, X. *et al.* 202, Brito, *et al.*, 2018; Ekborg *et al.*, 2007)

Dentro destes contextos pressupor-se que algumas CelAB, codificadas pelo simbionte bacteriano *Teredinibacter turnerae*, como novas configurações de enzimas multidomínio/multicatalíticas, incluindo uma putativa acetil xilano esterase/endo-1,4- β -xilanase e outras duas putativas pectinas acetilesterases duplas e a β -1,4-endoglucanases/celobiohidrolases (EC 3.2.1.4). Pressupõe-se, portanto, que estes sejam alguns mecanismos bioquímicos que permitindo ao *N. reynei* explore materiais lignocelulósicos como fonte energética de forma mais eficiente, ampliando suas possibilidades adaptativas em manguezais. (Gonçalves, *et al.*, 2024; Ekborg *et al.*, 2007)

Os CBMs não são catalíticos, mas ajudam a ancorar enzimas em substratos específicos de forma a aumentam a eficiência das enzimas, como celulasas e xilanases, ao manter contato próximo com fibras de celulose ou xilana. Os CBMs foram encontrados acoplados a celulasas e xilanases, proporcionando alta eficiência na manipulação de lignocelulósica. (Yang *et al.*, 2009)

Os sistemas biossintéticos PKS (policetídeo sintase) e NRPS (peptídeo sintase não ribossomal) encontrados em *T. turnerae*, são vias metabólicas especializadas que são produzidas por compostos bioativos secundários com propriedades farmacológicas e ecológicas importantes. Os PKS são responsáveis pelas descrições de policetídeos, moléculas orgânicas compostas por cadeias de carbono altamente diversificadas, usadas em antibióticos, como a eritromicina, e agentes anticancerígenos, como a epotilona. Os NRPS, por sua vez, sintetizaram peptídeos sem a necessidade do ribossomo, incorporando uma ampla variedade de aminoácidos em sequências peptídicas únicas. Exemplos notáveis incluem antibióticos como vancomicina e daptomicina. Ambos os sistemas dependem de grandes enzimas modulares que funcionam como "fábricas" biossintéticas, com domínios especializados que executam etapas sequenciais, como alongamentos de cadeias e modificações químicas. (Li, X. *et al.* 2021; Brito, *et al.*, 2018)

METODOLOGIA

Objetivando estabelecer um critério, uma linha clara de exploração dos recursos genéticos presentes na microbiota associada ao *Neoteredo reynei*, este artigo vem como uma justificativa para que

se estabeleçam critérios metodológicos com base na literatura com foco maior na proteína da família GH Bifuncional β -1,4-endoglucanase/celobiohidrolases, como sendo um dos precursores utilizados para degradação lignocelulósica.

Para alcançar esse objetivo, buscou-se artigos dos anos 2000 até 2025 sobre as palavras chaves em inglês: *Teredinibacter turnerae*, CelAB, *cellulose*, na base de dados Periódicos da CAPES, PubMed, PMC e SciELO. Foram encontrados 9 artigos pelo indexador PMC, sendo selecionado 5.

Tabela 1. Relação dos trabalhos selecionados.

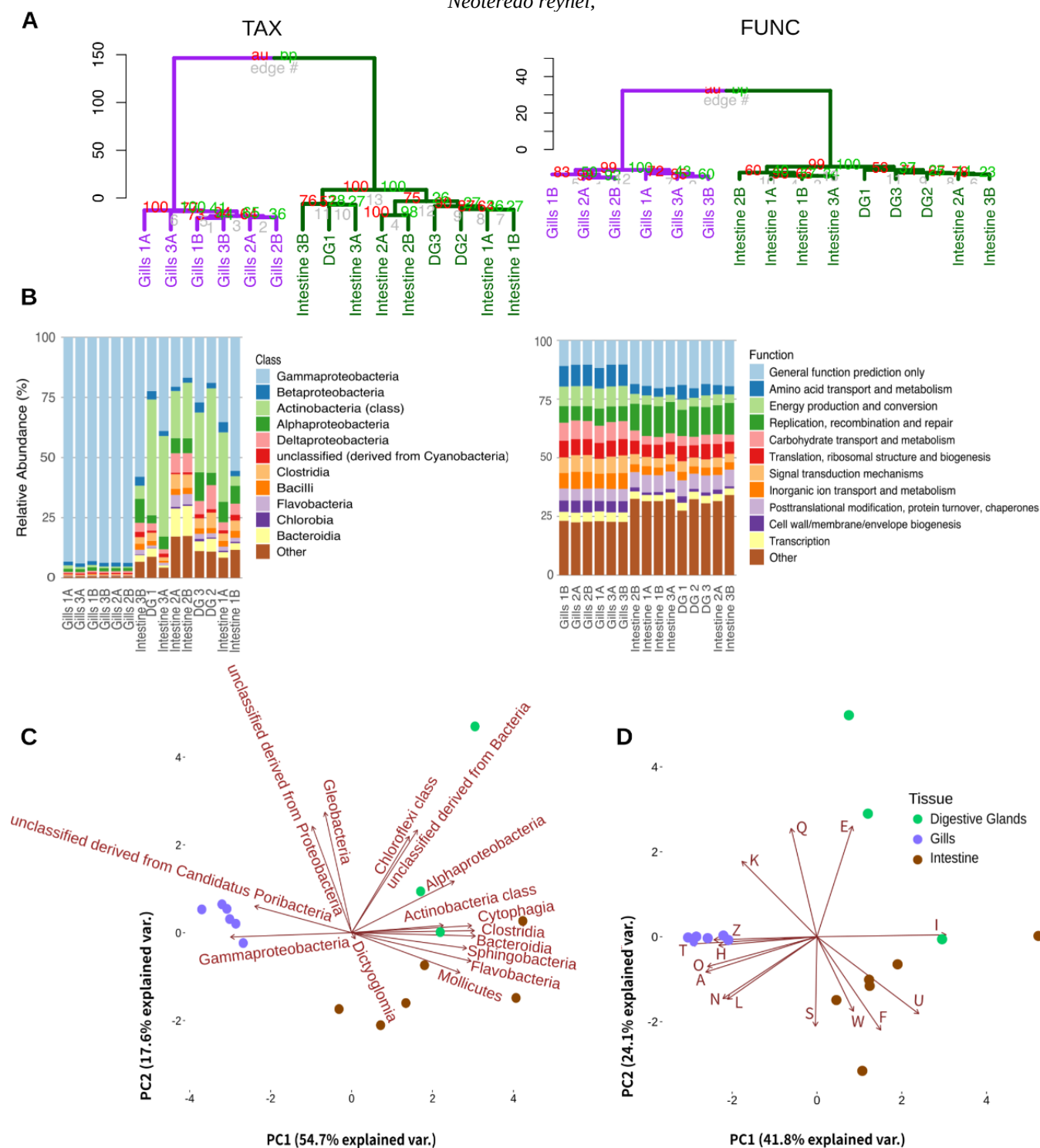
Autor / Ano	Título
Brito, et al. (2018)	<i>The gill-associated microbiome is the main source of wood plant polysaccharide hydrolases and secondary metabolite gene clusters in the mangrove shipworm Neoteredo reynei</i>
Altamia et al. (2014)	<i>Genetic differentiation among isolates of Teredinibacter turnerae, a widely occurring intracellular endosymbiont of shipworms</i>
Yang et al. (2009)	<i>The Complete Genome of Teredinibacter turnerae T7901: An Intracellular Endosymbiont of Marine Wood-Boring Bivalves (Shipworms)</i>
Maki et al. (2009)	<i>The prospects of cellulase-producing bacteria for the bioconversion of lignocellulosic biomass</i>
Ekborg et al. (2007)	<i>CelAB, a Multifunctional Cellulase Encoded by Teredinibacter turnerae T7902^T, a Culturable Symbiont Isolated from the Wood-Boring Marine Bivalve Lyrodus pedicellatus</i>

Fonte: Autor (2025).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

No trabalho intitulado *The gill-associated microbiome is the main source of wood plant polysaccharide hydrolases and secondary metabolite gene clusters in the mangrove shipworm Neoteredo reynei* fez-se um estudo investigativo do microbioma presente nas brânquias do molusco marinho *Neoteredo reynei*, conhecido por perfurar madeira. Uma análise metagenômica revelou que as bactérias simbióticas nas brânquias são a principal fonte de hidrolases de polissacarídeos vegetais, incluindo glicosil hidrolases (GH), que desempenham um papel crucial na manipulação da celulose. Além disso, foram identificados clusters de genes responsáveis pela produção de metabólitos segundos. (Brito, et. al., 2018)

Figura 1. Análise multivariada de características taxonômicas e funcionais de metagenomas microbianos associados ao *Neoteredo reynei*,



Fonte: Brito, et. al. (2018) < <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0200437.g001>>. Adaptada (2025).

O artigo *Genetic differentiation among isolates of Teredinibacter turnerae, a widely occurring intracellular endosymbiont of shipworms* apresenta a sequência completa do genoma de *Teredinibacter turnerae* (stran: ATCC39867/T7901), uma bactéria endossimbionte encontrada em bivalves marinhos que perfuram madeira, conhecida como "shipworms". (Altamia et al., 2014)

Tabela 2. Primers de amplificação e sequenciamento

Locus	Produto	Sequência de primer direta (5' a 3') ^a	Sequência de primer reversa (5' a 3') ^a	Temperatura de recozimento ^a	Tamanho esperado do amplicon (pb)
<i>rrsA, B e C</i>	RNA ribossômico de subunidade de pequena (16S)	27F - AGAGTTTGATCM TGGCTCAG 530F ^b - GTGCCAGCMGCC GCGG 1055F ^b - ATGGCTGTCGTC AGCT	1492R - TACGGYTACCTTGTTACGA CTT 800R ^b - TACCAGGGTATCTAATCC 1101R ^b - AGGGTTGCGCTCGTT	56°C	1495
<i>rpoB</i>	Subunidade β da RNA polimerase direcionada ao DNA	rpoB-F1 - ATGACAGACAAC GGTACWTTTCGTW RTBAAYG rpoB-F2 ^b - GAAGANGGCCGT CGTATTACTGC	rpoB-R1 - GTGAGTCGGGTGTACGTCW CGYACYTC rpoB-R2 ^b - GGCGCATCATGCGGTARAT YTCDACCAR	61°C	1277
<i>gyrB</i>	Subunidade β da DNA girase	gyrB-F - CATGCTGGCGGT AAATTCTGA	gyrB-R - TCTACGTCCGCATCCGTCAT	60°C	1211
<i>recA</i>	DNA recombinase A	recA-F1 - GCCAGTTTGGTA AAGGCACBGTB TGCGYM recA-F2 ^b - GGTGCGTTCAGG CGCARTHGAYGT KYT recA ₁ -F ^{b,c} - CGTATGGGTGAC AAAGAGCTGGAA G	recA-R1 - CGCCGTTGTAGCTATACCA RGCRCV recA-R2 ^b - CGCAGCGCTTGCGACATYA RTCGMGCY recA ₂ -R ^{b, c} - GAGCTGCAACAGAGTCAAT AATTACA	63°C 60°C	831 1150
<i>sseA</i>	Tiosulfato/3-mercaptopiruvato sulfurtransferase	sseA-F - ATGGCTAATTCAC CCCTGGTG	sseA-R - TTAGGTACTGGTGGCGATG GG	60°C	849
<i>elAB</i>	Glicosídeo hidrolase bifuncional	celAB-F - CCACCTCTGCAG CTTTCGCGG	celAB-R - GCCGTTACCGATTGTGGTG CC	61°C	941
	Amplicons de PCR clonados	M13-Avançar (-20) - GTAAAACGACGG CCAG	M13-Reverso - CAGGAAACAGCTATGAC	Amplicons de PCR clonados	M13-Avançar (-20) - GTAAAACGA CGGCCAG

^{um} Condições de PCR: desnaturação inicial por 3 min a 98°C; 35 ciclos de 30 s a 98°C, 30 s à temperatura de recozimento, 1 min a 72°C; extensão final por 7 min a 72°C; manutenção a 4°C.

^b Primer de sequenciamento interno

^c Par de primers internos específico para os alelos *recA*₁ e *recA*₂ dos isolados T8412, T8503 e T8513. Sítios complementares dos primers *recA* são mostrados na Figura 2.

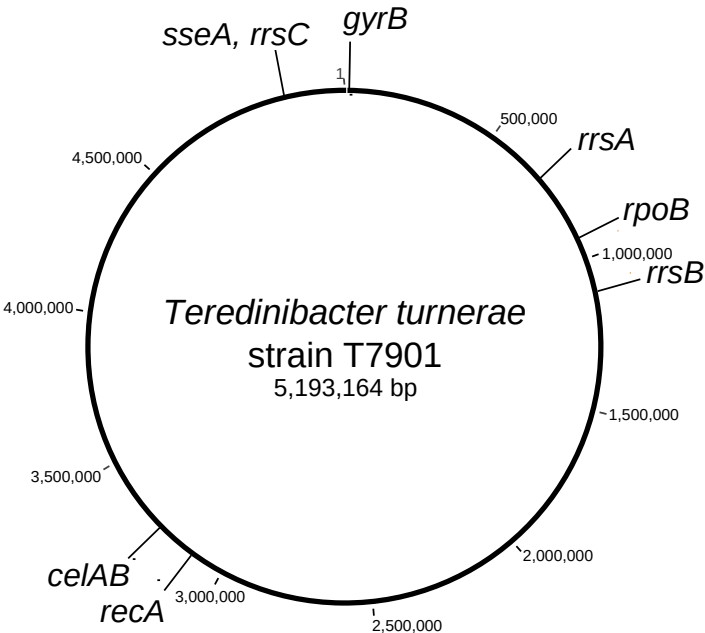
Fonte: Altamia *et al.* (2014). doi: <10.1111/mec.12667>. Adaptado (2025).

Tabela 3. Evidências para eventos de recombinação propostos pelo artigo.
Valor de $P \leq 0,01$ escalado usando uma correção de Bonferroni ^a Posição dos pontos de interrupção ^b Alelo recombinante (pais principais e secundários)

Locus	RDP	GENECONV	BootScan	MaxChi	Quimera	3Seq		
<i>celAB</i>	-	-	-	$6,884 \times 10^{-4}$	$5,935 \times 10^{-3}$	$1,122 \times 10^{-4}$	372 ^ε	PMS-535T.S.1b.3 (T8602 e T7902) ^ε
<i>gyrB</i>	-	$2,427 \times 10^{-4}$	$3,861 \times 10^{-8}$	$7,166 \times 10^{-3}$	-	$1,161 \times 10^{-7}$	597, 777 ^c	T8510 (PMS-683H.S.1a.9 e T8509) ^ε

Somente valores de $P \leq 0,01$ são exibidos
^b No conjunto de dados alinhados
^c Inferido por 3Seq
Fonte: Altamia *et al.* (2014). doi: <10.1111/mec.12667>. Adaptado (2025).

Figura 2. Material suplementar (somente para publicação online)



Fonte: Altamia *et al.* (2014). doi: <10.1111/mec.12667>. Adaptado (2025).

A análise genômica revelou a presença de múltiplos genes codificando os glicosil hidrolases (GH), incluindo celulasas e hemiceluloses, que são essenciais para a digestão da celulose presente na madeira. Esses achados destacam a importância de *T. turnerae* na digestão da madeira pelos hospedeiros e sugerem seu potencial biotecnológico na conversão de biomassa lignocelulósica. (Altamia *et al.*, 2014)

O artigo intitulado *The Complete Genome of Teredinibacter turnerae T7901: An Intracellular Endosymbiont of Marine Wood-Boring Bivalves (Shipworms)* é apreseto o sequenciamento completo do genoma da bactéria marinha *Teredinibacter turnerae* T7901, um endossimbionte intracelular *T. turnerae* possui um grande número de enzimas com funções de quebra lignocelulósicas. Destaca também

que seu genoma é composto por uma única molécula circular de 5,19 Mb e codifica 4.690 proteínas, das quais 65,4% têm função conhecida. Essa bactéria, encontrada exclusivamente em brânquias de bivalves teredinídeos, está intimamente relacionada a endossimbiontes não cultiváveis e ao organismo de vida livre *Saccharophagus degradans*. Seu genoma compartilha grande semelhança estrutural com o de *S. degradans*, incluindo genes ribossômicos organizados de forma incomum. *T. turnerae* possui um metabolismo secundário robusto, com nove clusters de genes relacionados à produção de compostos bioativos, como poliquetídeos e peptídeos não ribossômicos, sugerindo um possível papel na defesa do hospedeiro ou na competição microbiana. Seu genoma grande, alto teor de G+C e a presença de sistemas de reparo de DNA e defesa contra fagos indicam que essa bactéria pode ter uma vida independente, apesar de nunca ter sido isolada fora do hospedeiro.

Tabela 4. Comparação das características gerais do genoma.

Características	<i>Teredinibacter turnerae</i>	<i>Saccharophagus degradans</i> 2–40	<i>Pseudomonas fluorescens</i> Pf-5	<i>Cellvibrio japonicus</i> Ueda107
DNA, pressão arterial total	5.192.641	5.057.531	7.074.893	4.576.573
% G+C	51	46	63	52
% Codificação	86,5	86,7	88,7	90,5
Não. rRNAs	9	6	15	9
Não. tRNAs	40	41	71	48
Não. ORFs	4690	4008	6144	3790
Comprimento médio do ORF	973	1083	1007	1092

Fonte: Yang *et al.* (2009) doi: <<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006085>>. Adaptado (2025).

Os metabólitos secundários podem atuar na comunicação com o hospedeiro ou na regulação da microbiota branquial. A ausência de características típicas de endossimbiontes intracelulares sugere que *T. turnerae* pode ser um simbiote facultativo com uma longa história evolutiva associada a vermes navais. Estudos genômicos adicionais podem esclarecer a complexidade dessa relação simbiótica. (Yang *et al.*, 2009)

Tabela 5. Resumo dos domínios de ligação de carboidratos e catalíticos encontrados por genoma ou metagenoma.

	<i>Teredinibacter. turnerae</i>	<i>Saccharophagus degradans</i>	<i>Vibrio japonicus</i>	<i>Comunidade Nasutitermes</i>
Glicosídeo hidrolases (GHs)	101	130	122	704
Polissacarídeos liases (PLs)	5	33	14	10
Esterases de carboidratos (ECs)	22	15	19	não
Módulos de ligação de carboidratos (CBMs)	117	136	93	10

Fonte: Yang *et al.* (2009) doi: <<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006085>>. Adaptado (2025).

Na revisão do artigo *The prospects of cellulase-producing bacteria for the bioconversion of lignocellulosic biomass* discute o potencial de bactérias produtoras de celulase na conversão de biomassa lignocelulósica em bioprodutos de valor agregado. São abordadas técnicas de triagem e isolamento de novas celulases, bem como estratégias para melhorar a atividade enzimática, estabilidade térmica e resistência a inibições. O estudo destaca a importância da exploração da diversidade bacteriana para descobrir enzimas eficientes na manipulação da celulose, envolvendo aplicações em biotecnologia e produção de biocompostos. (Maki *et al.*, 2009)

Com base nas informações presentes no trabalho *CelAB, a Multifunctional Cellulase Encoded by Teredinibacter turnerae T7902T, a Culturable Symbiont Isolated from the Wood-Boring Marine Bivalve Lyrodus pedicellatus*, caracteriza-se a enzima CelAB, uma celulase multifuncional produzida por *Teredinibacter turnerae* T7902T. A CelAB possui dois domínios catalíticos e dois domínios de ligação a carboidratos, separados por regiões ricas em serina. A enzima demonstra capacidade de ligação tanto à celulose quanto à quitina e exibe atividades de celobiohidrolase e endoglucanase, permitindo a manipulação de múltiplos polissacarídeos complexos. Essas propriedades destacam a CelAB como uma enzima importante para processos de degradação de biomassa. (Ekborg *et al.*, 2007)

Tabela 6. Propriedades de domínios funcionais em CelAB				
Domínio CelAB	A proteína mais similar caracterizada ^a	Número de acesso ao GenBank.	% Identidade ^b	% Similaridade ^b
GH5	Domínio GH da celulase de <i>Cellvibrio japonicus</i>	CAA60493	64	81
CBM5	CBM da celulase da bactéria marinha DY3	AAP04424	58	69
CBM10	CBM de mananase de <i>C. japonicus</i>	AAO31761	67	75
GH6	Domínio GH da celobiohidrolase de <i>Cellulomonas fimi</i>	P50401	49	64
^{um} Conforme determinado por uma pesquisa BLASTP no banco de dados não redundante em 5 de abril de 2007.				
^b A identidade percentual e a similaridade percentual foram calculadas pelo alinhamento BLASTP em pares.				

Fonte: Ekborg *et al.* (2007) doi: <<https://doi.org/10.1128/AEM.00876-07>>. Adaptado (2025).

Esses artigos fornecem insights importantes sobre a produção de proteínas GH, a caracterização do sítio CelAB e os mecanismos de manipulação da celulose por simbiontes bacterianos, com implicações significativas para aplicações biotecnológicas.

Analise Crítica dos Artigos Apresentados

A simbiose entre bactérias e organismos marinhos desempenha um papel crucial na degradação da biomassa lignocelulósica, como evidenciado pelos estudos sobre *Teredinibacter turnerae* e o

microbioma associado a moluscos perfuradores de madeira. A análise genômica de *T. turnerae* revelou a presença de genes codificadores de glicosil hidrolases (GH), essenciais para a digestão da celulose, e de um metabolismo secundário robusto, com potenciais aplicações biotecnológicas. A capacidade dessa bactéria de produzir celulasas multifuncionais, como CelAB, destaca sua relevância para a bioconversão de biomassa e produção de biocombustíveis. (Altamia *et al.*, 2014; Ekborg *et al.*, 2007)

A presença de um grande genoma, um alto teor de G+C e sistemas de defesa contra fagos sugerem que *T. turnerae* pode ser um endossimbionte facultativo, capaz de sobreviver fora do hospedeiro. No entanto, a ausência de isolamento em ambientes naturais levanta questões sobre sua verdadeira autonomia. A produção de metabólitos secundários pode indicar uma função na defesa do hospedeiro ou na regulação da microbiota branquial, promovendo uma interação mutualística. (Maki *et al.*, 2009; Yang *et al.*, 2009)

O microbioma branquial de *Neoteredo reynei* também se destaca como uma fonte primária de enzimas hidrolíticas e metabólitos secundários. Esse ecossistema microbiano complexo é essencial para a degradação da madeira, permitindo a sobrevivência dos vermes navais. A diversidade e a plasticidade metabólica dessas bactérias sugerem uma evolução adaptativa que favorece tanto os simbiontes quanto seus hospedeiros. (Brito *et al.*, 2018; Yang *et al.*, 2009)

A exploração biotecnológica dessas enzimas é promissora para a conversão de biomassa lignocelulósica em produtos de alto valor agregado. Estudos futuros devem focar na engenharia enzimática para otimizar a estabilidade e eficiência catalítica dessas celulasas, ampliando suas aplicações industriais. A compreensão da interação entre hospedeiros e simbiontes poderá revelar novas estratégias para o aproveitamento sustentável de recursos naturais. (Altamia *et al.*, 2014; Maki *et al.*, 2009; Ekborg *et al.*, 2007)

CONCLUSÃO

O gênero *Neoteredo* faz parte de uma radiação adaptativa dentro da família *Teredinidae*, que resultou em bivalves especializados em diferentes habitats e condições ambientais. A diversificação dos *Teredinidae*, incluindo *Neoteredo reynei*, foi impulsionada por pressões ecológicas, pois diferentes espécies de *Teredinidae* evoluíram para ocupar habitats específicos, como manguezais, rios ou zonas costeiras marinhas. O molusco *N. reynei* se especializou em viver em madeira submersa nos manguezais brasileiros, onde encontra uma abundância de detritos lenhosos. Também pode-se presumir que a uma coevolução com a microbiota simbiótica, pois a capacidade de utilizar madeira como fonte alimentar depende fortemente da microbiota simbiótica e variações nas associações simbióticas podem ter desempenhado um papel na diversificação do gênero *Neoteredo*.

Os estudos analisados mostram uma clara interconexão entre o papel dos simbiontes bacterianos na degradação de lignocelulósico e sua relevância biotecnológica. A análise do microbioma de *Neoteredo reynei* reforça que as brânquias são reservatórios essenciais de enzimas para degradação de madeira, complementando as descobertas sobre *T. turnerae*. O estudo do genoma completo de *T. turnerae* T7901 evidencia a riqueza de genes hidrolíticos essenciais para a digestão de polissacarídeos vegetais, alinhando-se à caracterização funcional da celulase CelAB.

A revisão sobre perspectivas biotecnológicas das celulases destaca a relevância dessas descobertas para a produção de biocombustíveis e bioprodutos, sugerindo que a exploração dessas bactérias poderá viabilizar processos mais sustentáveis e eficientes. Assim, a interligação entre esses estudos demonstra um avanço na compreensão da ecologia microbiana e suas potenciais aplicações industriais.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem FUNCAP, ao IFCE campus Maracanaú e aos colaboradores do LAQAMB que contribuíram com subsídios técnicos e intelectuais para a elaboração deste trabalho.

REFERÊNCIAS

- ALTAMIA, M.A., WOOD, N., FUNG, J.M., DEDRICK, S., LINTON, E.W., CONCEPCION, G.P., HAYGOOD, M.G., DISTEL, D.L.. Genetic differentiation among isolates of *Teredinibacter turnerae*, a widely occurring intracellular endosymbiont of shipworms. **Mol Ecol.** 2014 Mar;23(6):1418-1432. 2014. doi: 10.1111/mec.12667. PMID: 24765662; PMCID: PMC4621784.
- ALVES, J. L. F.; da SILVA, J. C. G.; MUMBACH, G. D.; ARIAS, S.; PACHECO, J. G. A.; Di DOMENICO, M.; MARANGONI, C. Valorization of royal palm tree agroindustrial waste via pyrolysis with a focus on physicochemical properties, kinetic triplet, thermodynamic parameters, and volatile products. **Biomass and Bioenergy**, v. 177, p. 106937, 2023. doi: 10.1016/j.biombioe.2023.106937.
- BRITO, T. L., CAMPOS, A. B., BASTIAAN von MEIJENFELDT, F. A., DANIEL, J. P., RIBEIRO, G. B., SILVA, G. G. Z., WILKE, D. V., de MORAES, D. T., DUTILH, B. E., MEIRELLES, P. M., & Trindade-Silva, A. E. (2018). The gill-associated microbiome is the main source of wood plant polysaccharide hydrolases and secondary metabolite gene clusters in the mangrove shipworm *Neoteredo reynei*. *PloS one*, 13(11), e0200437. doi: 10.1371/journal.pone.0200437.
- COELHO, Rodolfo Renan Fernandes Ibrahim; ORNELAS, Neliane Marinho Queiroz; FRANCO, David Gabriel de Barros; JUNIOR, Joel Carlos Zukowski. Funcionamento da logística na atividade de agroenergia: desafios e oportunidades. **Revista Políticas Públicas & Cidades**, [S. l.], v. 13, n. 2, p. e831, 2024. doi: 10.23900/2359-1552v13n2-62-2024.
- EKBORG, N.A., MORRILL, W., BURGOYNE, A.M., LI, L., DISTEL, D.L.. CelAB, a multifunctional cellulase encoded by *Teredinibacter turnerae* T7902T, a culturable symbiont isolated

from the wood-boring marine bivalve *Lyrodus pedicellatus*. *Appl Environ Microbiol*. 2007;73(23):7785-7788. 2007. doi:10.1128/AEM.00876-07.

GONÇALVES, F. G. M. F; SANTOS, F. A. C.; SOUZA, B. V.; Assunção, João C. C. Potencial gênico da bactéria *Teredinibacter turnerae* mediante a sua reposta molecular para degradação de celulose como fomento para bioprocessos. **Journal of Education Science and Health**. 2024 Nov 30;4(4):1–11. doi: 10.52832/jesh.v4i4.477.

HARMSSEN, P.F.H. et al. Literature review of physical and chemical pretreatment processes for lignocellulosic biomass, 2010.

HONÓRIO, G.. Produção de biogás a partir dos resíduos da produção de biodiesel no Brasil - uma revisão. **Latin American Journal of Energy Research**, [S. l.], v. 11, n. 1, p. 180–194, 2024. doi: 10.21712/lajer.2024.v11.n1.p180-194.

HUANG, X.-W. et al. Bacterial functions are main driving factors on paddy soil organic carbon in both surface soil and subsoil. **Agriculture Ecosystems & Environment**, v. 373, p. 109123–109123, 17 jun. 2024. doi: 10.1016/j.agee.2024.109123.

LI, X. et al. Biosynthesis of alkyne-containing natural products. **RSC Chemical Biology**, v. 2, n. 1, p. 166–180, 2021. doi: 10.1039/D0CB00190B.

LIBÓRIO, D. de O.. Pirólise de resíduos de biomassas lignocelulósicas para produção de biocombustíveis. 2024. Tese (Doutorado em Engenharia Química) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2024.

MAKI, M., LEUNG, K.T., QIN, W.. The prospects of cellulase-producing bacteria for the bioconversion of lignocellulosic biomass. **Int J Biol Sci**. 2009 Jul 29;5(5):500-16. doi: https://doi.org/10.7150/ijbs.5.500. PMID: 19680472; PMCID: PMC2726447

NAKA, H., HAYGOOD, M.G.. The dual role of TonB genes in turnerbactin uptake and carbohydrate utilization in the shipworm symbiont *Teredinibacter turnerae*. *Appl Environ Microbiol*. 2023 Dec 21;89(12):e0074423. DOI: 10.1128/aem.00744-23. Epub 2023 Nov 27. PMID: 38009998; PMCID: PMC10734418.

ROITMAN, T.. Programas internacionais de incentivo aos biocombustíveis e o RenovaBio. **Boletim de Conjuntura**, n. 3, p. 19-25, 2019.

SOBRINHO-CHEMMÉS, C. et al. Estudo de métodos físico-químicos no prétratamento de resíduos lignocelulósicos para produção de etanol de segunda geração. *Seminário Estudantil de Produção Acadêmica*, v. 12, n. 1, 2013.

YANG, J.C., MADUPU, R., DURKIN, A.S., EKBORG, N.A., PEDAMALLU, C.S., HOSTETLER, J.B., et al. (2009) The Complete Genome of *Teredinibacter turnerae* T7901: An Intracellular Endosymbiont of Marine Wood-Boring Bivalves (Shipworms). **PLoS ONE** 4(7): e6085. doi: 10.1371/journal.pone.0006085.