

A revista do Microbiologista.

# Microbiologia

*in foco*

SBM SOCIEDADE  
BRASILEIRA DE  
MICROBIOLOGIA  
#26

www.sbmicrobiologia.org.br

Informativo SBM  
ano 6 / 2015

Crédito: ESA, imagem por AOES Medialab

# EM BUSCA DE VIDA FORA DA TERRA

Missões espaciais têm ajudado a responder questionamentos sobre a origem dos seres vivos em nosso planeta e sobre a existência de micro-organismos em outros astros do Sistema Solar

## MEMÓRIA

A história da microbiologia no Brasil

Pág. 15

## VACINA CONTRA O EBOLA

Começam os testes em humanos nos países mais afetados pela epidemia

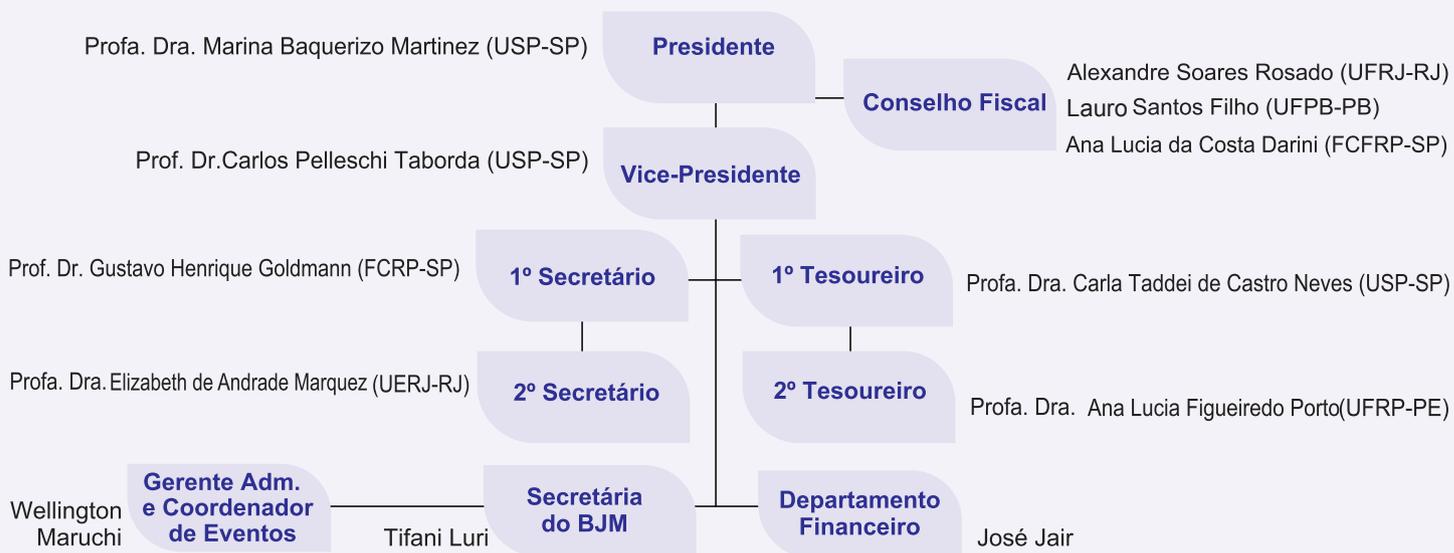
Pág. 18

## SOLOS BRASILEIROS

Revisão analisa a ocorrência e a funcionalidade dos micro-organismos presentes nesses sistemas

Pág. 22

Biênio 2014-2015 / SBM 2014-2015



## REPRESENTANTES DE ÁREA

### Coleções de Culturas

Manuela da Silva, Fiocruz/RJ  
André Rodrigues - UNESP / Rio Claro

### Ensino

Maria Magali Stelato - PUC/Campinas  
Marcela Pelegrine Peçanha - PUC-SP / UNISO

### Genética de Microrganismo e Bioinformática

Gustavo Goldman - USP/SP  
Iran Malavazi - UFSCAR

### Infecção Hospitalar

Afonso Luis Barth - UFRGS  
Lauro Santos Filho - UFPB

### Micologia

Célia Maria de Almeida Soares, UFG, GO  
Rosely Maria Zancopé Oliveira - FIOCRUZ

### Micotoxinas

Idjane Oliveira - UFPE/PE  
Beatriz Thie Iamanaka - ITAL-SP

### Microbiologia Ambiental

Valéria Maia de Oliveira - UNICAMP  
Raquel Peixoto - UFRJ

### Microbiologia Clínica

Ana Lucia da Costa Darini - USP/Ribeirão Preto  
Jorge Luiz Mello Sampaio - USP/SP

### Microbiologia de Alimentos

Elaine de Martins - USP/Ribeirão Preto  
Mariza Landgraf - USP/São Paulo

### Microbiologia do Solo

Fernanda Andrade - UFC  
Vânia Maria Maciel Melo - UFC

### Microbiologia Industrial e Biotecnologia

Luiz Henrique Guimarães - USP/Ribeirão Preto  
Adalberto Pessoa Junior - USP/SP

### Microbiologia Veterinária

Rinaldo Aparecido Mota - UFR-Pernambuco  
Miliane Moreira Soares de Souza - UFRJ

### Patogenicidade Bacteriana

Agnes Marie Sá Figueiredo - UFRJ  
Tânia Aparecida Tardelli Gomes do Amaral - UF-SP

### Patógeno-Hospedeiro

André Báfica - UFSC  
Letícia Carneiro - UFRJ

### Virologia

Flávio Guimarães da Fonseca - UFMG/MG  
Luciana Barros de Arruda, UFRJ-RJ

É com grande satisfação que publicamos a 26ª edição da revista *Microbiologia in Foco*. Na reportagem de capa, vamos abordar um assunto instigante - a origem, evolução e o futuro da vida no Universo – tema de pesquisa da Astrobiologia. Duas missões espaciais altamente complexas têm lançado luz sobre este tema, como a Missão Internacional Rosetta, planejada pela Agência Espacial Europeia (ESA), por meio da qual um robô aterrissou pela primeira vez sobre um cometa, e a exploração do robô Curiosity sobre o solo marciano, uma iniciativa da agência espacial americana (NASA), que busca evidências da existência de seres vivos fora da Terra.

A matéria intitulada *Trajatória em 8 passos* rememora a iniciativa, capacidade e perseverança de brasileiros ilustres que, em uma época de escassos recursos técnico-científicos, demonstraram a importância dos micro-organismos como causadores de doenças e suas vias de transmissão. Eles implementaram ações que resultaram na criação dos Institutos Butantan, Fundação Oswaldo Cruz, além do Serviço Sanitário de São Paulo, dirigido por Emílio Ribas e do Instituto Bacteriológico, dirigido por Adolfo Lutz.

A reportagem sobre a vacinação contra o vírus Ebola esclarece o atual estado da arte sobre o tema, trazendo os últimos avanços no desenvolvimento e testes clínicos de preparados vacinais contra esta doença de altíssimas taxas de morbidade e mortalidade, particularmente no continente africano. Duas vacinas contra a doença já começaram a ser testadas em larga escala em humanos na Libéria, Guiné e Serra Leoa. Por fim, um grupo de pesquisadores do Departamento de Ciência do Solo, ESALQ/USP, apresenta uma revisão muito interessante sobre o Microbioma de Solos Brasileiros com suas características e peculiaridades. Nos biomas encontrados no território brasileiro - a Amazônia, a Caatinga, o Cerrado, o Pantanal, a Mata Atlântica e o Pampa - a comunidade microbiana responde pela base da cadeia trófica e interfere nos processos biogeoquímicos e geomorfológicos que ocorrem nos solos que os sustentam. Agradecemos a todos que colaboraram com este número da revista *Microbiologia in Foco* e contamos com a participação dos colegas para futuras edições.

Roxane Maria Fontes Piazza ①  
Sergio Eduardo Longo Fracalanza ②



## Expediente

**Microbiologia in foco**  
**Revista da Sociedade**  
**Brasileira de Microbiologia**

**Ano 6, nº 26**

São Paulo: SBM, 2015

Periodicidade trimestral

### Editores

Roxane Maria Fontes Piazza  
Sergio Eduardo Longo Fracalanza

### Coordenação jornalística

Vanessa Vieira

### Responsabilidade autoral

Todos os artigos assinados  
são de responsabilidade dos  
respectivos autores

### Diagramação

Alessandro Duarte

### Tiragem

2000 exemplares  
Circulação Nacional  
Distribuição gratuita  
para sócios da SBM

## Revista traz revisão de bacterioterapias contra o câncer



A revista Science, da American Society for the Advancement of Science (AAAS), dedicou sua edição de 3 de abril aos últimos achados nas áreas de imunologia e imunoterapia do câncer. Um dos textos da publicação faz uma revisão de vários estudos sobre como a microbiota de cada organismo pode ampliar ou reduzir o risco de tumores e sobre o uso de micro-organismos no tratamento de cânceres. O texto lembra que já existem 10 oncovírus conhecidos. É o caso do vírus do papiloma humano (HPV). Além disso, para eliminar competidores, muitas enterobactérias, como a *E. coli*, desenvolveram mecanismos para danificar DNA, um processo que pode levar a mutações nos tecidos do hospedeiro, contribuindo para a carcinogênese. Lesões constantes nas mucosas também podem comprometer o equilíbrio com a microbiota, fazendo com que os micróbios interfiram na resposta imunológica do organismo a infecções e tumores. Por outro lado, os micro-organismos podem representar alternativas terapêuticas contra o câncer. Um exemplo é o *Bacillus Calmette-Guerin* (BCG), usado no tratamento de alguns cânceres de bexiga para induzir uma reação antitumor. Nas últimas décadas, algumas vacinas baseadas em bactérias têm sido pesquisadas. Mas a biologia sintética é a mais promissora das opções terapêuticas contra o câncer. Ao fazer a reengenharia de bactérias, programando-as para liberar biomoléculas direto nos tumores, ela permite minimizar os danos colaterais aos tecidos saudáveis.

Fonte: Cancer and the microbiota, by Wendy S. Garret (Science, abril)

## Pesquisa avalia risco de transmissão de vírus de morcegos para humanos

Uma pesquisa da Divisão de Biologia Estrutural da Universidade de Oxford levantou informações sobre uma possível disseminação de um henipavírus africano entre humanos. Mais de uma dúzia de grupos de patógenos chamados de henipavírus (HNV) foi detectada na África, onde morcegos frugívoros – reservatórios dos vírus asiáticos relacionados Nipah – são frequentes nas proximidades de povoados. Para avaliar o risco de transmissão do

HNV africano entre as duas espécies, os pesquisadores analisaram a interação entre sua glicoproteína e a superfície de uma célula humana. Os resultados mostraram que o vírus africano adere de forma menos eficiente ao receptor humano do que seu similar asiático. Mas os autores alertam que os receptores de morcegos e humanos diferem por apenas três aminoácidos, e os vírus poderiam usar uma estratégia parecida para invadir as células humanas.



Fonte: Molecular recognition of human ephrin B2 cell surface receptor by an emergent African henipavirus, by Benhur Lee et al. (PNAS, março)

# Vírus da dengue tem genoma recodificado

Um estudo da Stony Brook University concluiu que o genoma do vírus da dengue pode ser recodificado para ter seu poder atenuado nas células de mamíferos. A maneira como insetos e mamíferos codificam proteínas é diferente, e o genoma viral evoluiu para usar de forma eficiente o equipamento de cada um desses hospedeiros. Pensando nisso, Eckard Wimmer e colegas reconfiguraram o genoma do vírus da dengue seletivamente, de modo a reduzir sua preferência pelo modo de codificação de proteínas dos mamíferos. Com isso,

o vírus da dengue aumentou seus níveis nas células dos insetos, mas ficou bastante atenuado nas células de camundongos recém-nascidos. Apesar da menor virulência, o vírus reconfigurado induziu, entre os camundongos, a formação de anticorpos que puderam ser transmitidos pelas fêmeas aos seus descendentes. Nesses filhotes, os anticorpos tiveram efeito protetor contra o vírus selvagem da dengue. Para os autores, essa estratégia poderia ser usada para desenvolver uma nova vacina contra o vírus da dengue.



Fonte: Large-scale recoding of an arbovirus genome to rebalance its insect versus mammalian preference, by Sam H. Shen et al. (PNAS, março)

## Herpes-vírus aumenta resposta imunológica à gripe

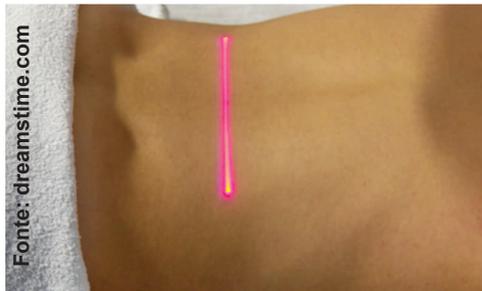
Membro da família do herpes, o citomegalovírus tem o poder de estimular a resposta imunológica em indivíduos jovens, de acordo com um estudo da Universidade de Stanford. Depois de analisar amostras de sangue de 91 voluntários saudáveis que receberam uma vacina contra a

gripe, David Furman e colegas compararam 236 variáveis relacionadas à imunidade. Entre os mais jovens, os indivíduos infectados com o citomegalovírus apresentaram atividade imunológica mais forte do que os não infectados, principalmente no que diz respeito à vacina da gripe.

Esse efeito não foi constatado quando se testou um vírus relacionado, o Epstein-Barr vírus. O resultados mostram que, diferentemente de um parasita, o citomegalovírus fortalece a resposta imunológica das pessoas jovens contra o vírus da influenza e, possivelmente, contra outras infecções.

Fonte: Cytomegalovirus infection enhances the immune response to influenza (Science Translational Medicine, abril)

## Laser fracionado eleva eficácia de vacina por via cutânea



Uma estratégia de imunização por via cutânea poderia melhorar a proteção imunológica contra os vírus da gripe e reduzir as taxas de mortalidade, segundo

pesquisadores da Harvard Medical School, de Boston. A aplicação de vacinas na pele, em vez do músculo, é capaz de produzir uma reação imunológica mais forte contra alguns vírus. Mas o método não é amplamente adotado por causa das taxas relativamente altas de dor e irritação e da dificuldade para administrar substâncias por essa via. Pensando nisso, Mei Wu e seu time desenvolveram uma técnica indolor e sem lesões para inoculação cutânea. Eles usaram

um conjunto de microagulhas, para obter uma recuperação mais rápida. A aplicação foi precedida de um tratamento com laser fracionado, que provoca uma reação inflamatória local, elevando a proteção da vacina. Os camundongos submetidos ao pré-tratamento com laser sobreviveram à posterior exposição ao vírus H1N1. Entre os que só foram vacinados, 30% ficaram imunes. A abordagem combinada também conferiu proteção contra outros vírus H3N2.

Fonte: Effective and lesion-free cutaneous influenza vaccination, by Ji Wang, Bo Li, and Mei Wu. (Science, abril)

# Em busca de vida no espaço

Missões espaciais têm ajudado a responder questionamentos sobre a origem dos seres vivos em nosso planeta e sobre a existência de micro-organismos em outros astros do Sistema Solar

Vanessa Vieira

**Robô-jipe Curiosity em solo marciano: metano detectado pode ser indício de microbiota no subsolo do planeta vermelho**

Crédito: NASA / JPL-Caltech / Malin Espaço Ciência Sistemas

Duas missões espaciais têm lançado luz sobre alguns dos grandes temas de pesquisa da Astrobiologia – ciência que estuda a origem, evolução e o futuro da vida no Universo. A expedição Rosetta, da Agência Espacial Europeia (ESA), por meio da qual um robô aterrissou pela primeira vez sobre um cometa, vem ajudando a investigar a origem da vida em nosso planeta. Já a

exploração do robô Curiosity sobre solo marciano, uma iniciativa da agência espacial americana (Nasa), busca evidências da existência de seres vivos fora da Terra. “As informações trazidas por essas missões são as notícias do ano na área de Astrobiologia”, afirma Douglas Galante, pesquisador do Laboratório Nacional de Luz Síncrotron (LNLS).

Até o momento, o principal feito da missão Rosetta foi enfraquecer a tese de que a água – e possivelmente a vida – teria chegado à Terra por meio de vários choques com cometas. Diferentemente dos planetas – que passaram por um longo processo de resfriamento, durante o qual suas rochas se solidificaram e derreteram diversas vezes, sofrendo

alterações químicas – os cometas, por suas menores dimensões, não passaram por essas transformações, preservando uma composição bastante similar àquela do período de formação do Sistema Solar, há 4,5 bilhões de anos. Por essa razão, a semelhança entre o tipo de água do cometa 67P/Churyumov-Gerasimenko e a da Terra reforçaria a tese de que as moléculas desse líquido vital foram trazidas ao nosso planeta por meio de colisões com esse tipo de corpo celeste. Para verificar essa hipótese, as moléculas de H<sub>2</sub>O encontradas na superfície do cometa foram analisadas por dois espectrômetros e um sensor de pressão a bordo da sonda Rosetta. Mas o resultado mostrou que a quantidade de deutério (um tipo de hidrogênio pesado) presente na água do cometa é mais abundante do que na água terrestre. “Por ora, ganham força outras duas teses: a de que boa parte das moléculas de gelo já estava no envelope dos ingredientes que formaram a Terra e a de que outra parte da água pode ter chegado ao planeta pelo choque com asteroides”, afirma Eduardo Janot Pacheco, presidente da Sociedade Brasileira de Astrobiologia e professor do Instituto de Astronomia, Geofísica e Ciências Atmosféricas da Universidade de São Paulo.

Uma dessas teses, por sinal, poderá ser posta à prova dentro de pouco tempo. A agência espacial japonesa, Jaxa, lançou em dezembro a sonda Hayabusa 2, que, após percorrer 300 milhões de quilômetros, deve chegar, em 2018, ao asteroide 1999 JU3 para coletar amostras. Além disso, a Nasa planeja lançar em 2016 a espaçonave OSIRIS-REX, com destino ao asteroide Bennu, aonde deve chegar em 2019. Segundo a

agência espacial americana, esse asteroide, rico em carbono, registra os primórdios da história do Sistema Solar e pode conter os precursores moleculares da origem da vida e dos oceanos da Terra.

### Atividade biológica

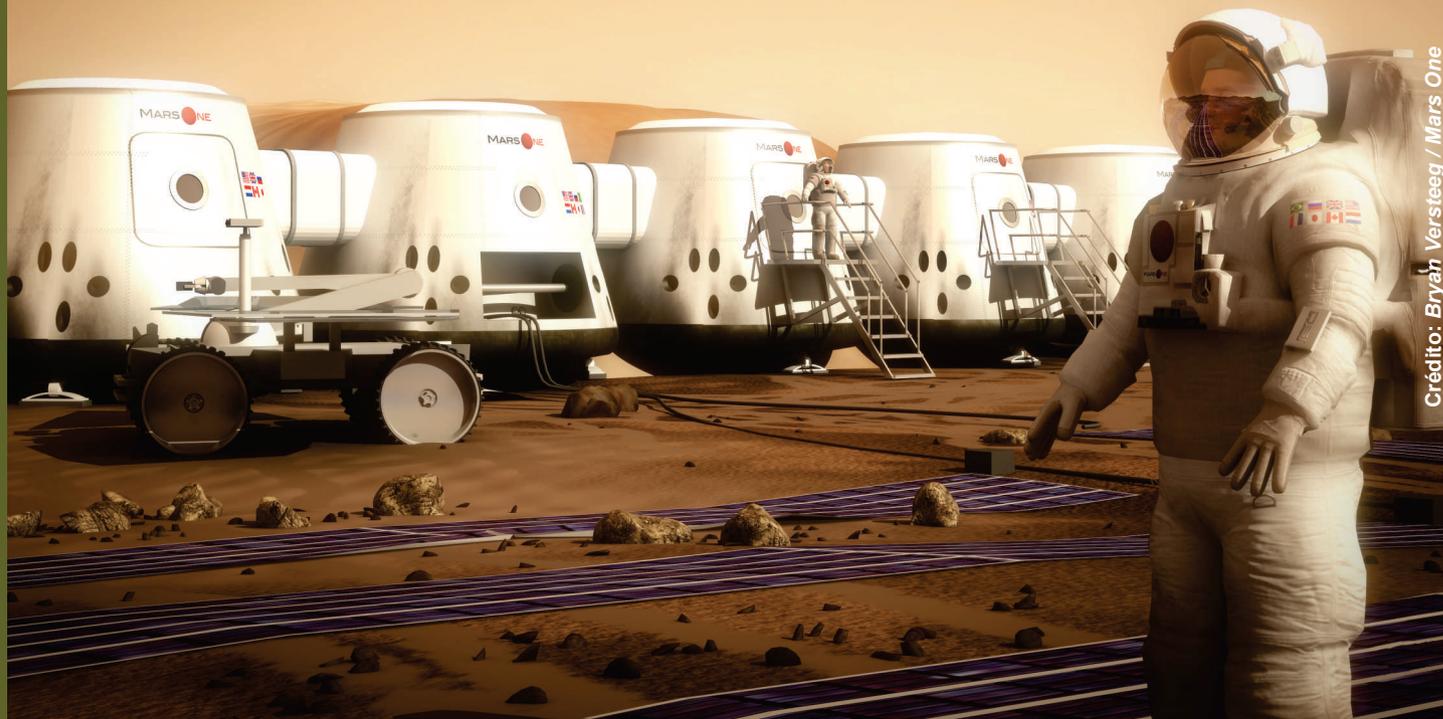
Enquanto a origem da vida no planeta azul não é plenamente esclarecida, são cada vez maiores os indícios de que pode haver vida no planeta vermelho. Em dezembro, o robô

Curiosity, da Nasa, detectou picos de emissão de metano em Marte. “O metano é um biomarcador de atividade biológica”, diz Douglas Galante, sobre o gás que, na Terra, é liberado por seres vivos ou pela decomposição de matéria orgânica. “Isso foi interpretado por alguns como um sinal certo de vida em Marte, mas, ainda que esse metano esteja sendo liberado por processos geológicos abaixo da superfície, reforça-se a possibilidade de que haja água líquida no subsolo marciano, para que essas



Crédito: ESA, imagem por C. Carreau

**Rosetta se aproxima do 67P/Churyumov-Gerasymenko: tipo de água encontrado enfraquece a tese de que cometas trouxeram a vida à Terra**



**Simulação do projeto Mars One para assentamento em Marte: micro-organismos poderiam ser uma alternativa para produzir oxigênio e reconstituir atmosfera do planeta, criando as condições necessárias para sobrevivência humana**

reações ocorram”, afirma o pesquisador do LNLS. “Ressuscitou-se a esperança de vida microbiana no subsolo, mesmo se os picos de emissão duraram apenas dois meses”, diz Eduardo Janot, da Sociedade Brasileira de Astrobiologia. Para os especialistas da área, é justamente sob a superfície de Marte que pode se esconder uma microbiota remanescente do período em que havia grandes quantidades de água e, provavelmente, vida no solo do planeta vermelho.

Até um bilhão de anos atrás, boa parte da superfície de Marte era coberta por bacias hidrográficas e oceanos. Imagens de nosso vizinho de Sistema Solar feitas bem de perto por sondas espaciais mostram uma topografia onde se delineiam leitos de rios, fundos de lagos e mares. “Isso sugere que o planeta já teve temperaturas acima de 0°C e uma atmosfera, além de um sistema

hidrológico ativo na superfície, com oceanos, rios e lagos”, afirma Douglas. Nitrogênio é um elemento químico essencial em todas as formas de vida terrestre. “A descoberta, pelo robô Curiosity, de nitratos no solo marciano, uma forma de nitrogênio de fácil assimilação por seres vivos, mostra que micro-organismos marcianos poderiam ter incorporado nitrogênio para fabricar componentes essenciais de suas células”, diz Janot.

O fim dessa era de condições favoráveis à vida no planeta vermelho estaria relacionado ao seu resfriamento. “Por ser menor do que a Terra, Marte se resfriou mais rápido. Isso, entre outras razões, afetou seu campo magnético, um dos responsáveis por evitar a perda de atmosfera e de água do planeta”, diz o pesquisador do LNLS. “Sem o campo geomagnético, o vento solar varreu a atmosfera e, com isso, acelerou a perda de água para o espaço”, acrescenta Douglas Galante.

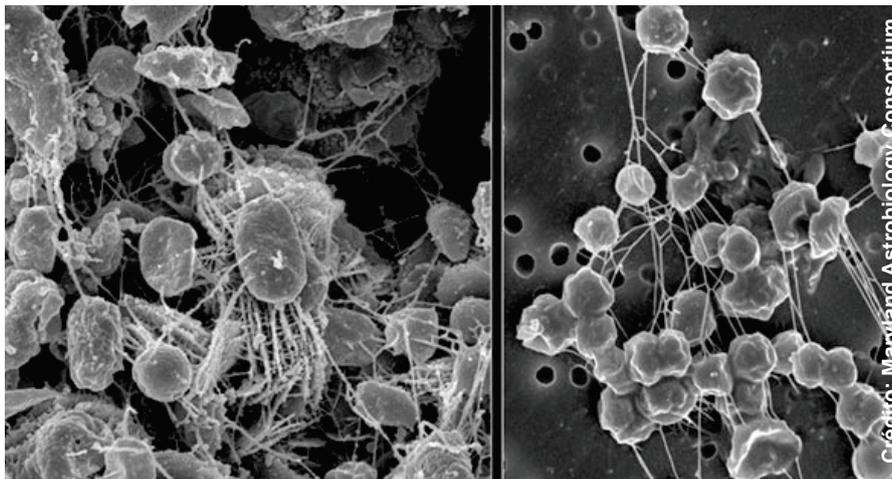
## Extremófilos

Caso ainda haja vida em Marte, que tipo de seres povoaria o solo marciano? Se há um consenso na comunidade científica é que, se houver vida no planeta vermelho, ela será microbiana. “Além de representar quase 90% de toda a matéria viva na Terra, os organismos procaríotos estão no planeta há pelo menos 3,5 bilhões de anos, enquanto o *Homo sapiens* surgiu há cerca de 2 milhões de anos”, diz Douglas Galante. “Por isso, por uma questão de bom senso, a probabilidade de encontrar vida microbiana parece ser bem maior”, afirma.

A aposta de que esses micro-organismos vivam abaixo do solo se deve às condições extremamente desfavoráveis à vida na superfície do planeta. Ali, a temperatura varia entre -120°C e 30°C, a pressão é quase 1.000 vezes inferior à da Terra, o oxigênio é escasso e a radiação intensa. Sob o solo do planeta,

onde se acredita que haja uma camada de solo congelado – o chamado permafrost – a temperatura deve variar entre 0°C e -30°C, uma condição que, em nosso planeta, já é suficiente para a sobrevivência de alguns tipos de micróbios. “Já temos hoje, na Terra, seres vivos que poderiam sobreviver num exoplaneta”, diz Eduardo Janot.

O presidente da Sociedade Brasileira de Astrobiologia baseia sua afirmação nos estudos feitos com os chamados extremófilos, micro-organismos capazes de sobreviver nos ambientes mais hostis de nosso planeta. Um desses estudos, por exemplo, chamado de *O Ambiente Microbiológico Antártico como Modelo de Estudos em Astrobiologia*, realizado em parceria por pesquisadores brasileiros, chilenos, argentinos e russos, isolou micróbios extremófilos de vários tipos de amostras da Antártida para identificar os mais adaptados ao



### Extremófilos: alguns micro-organismos adaptados aos ambientes mais hostis da Terra poderiam sobreviver em outros planetas

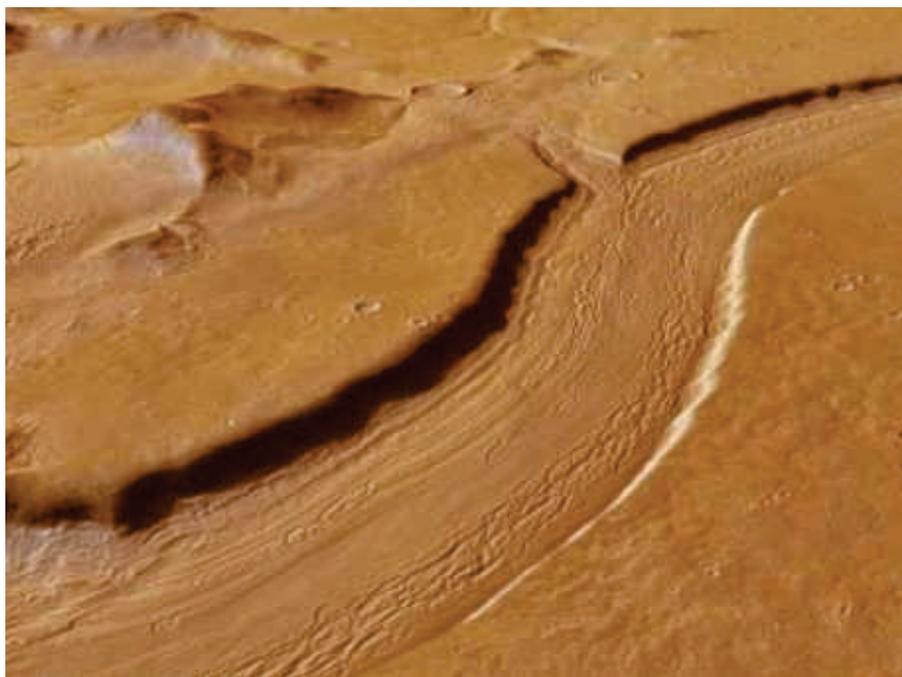
frio e mais resistentes à radiação ultravioleta. O objetivo era submetê-los, depois, a simulações de ambientes extraterrestres. Na ocasião, 163 cepas de bactérias foram isoladas como possíveis candidatas à sobrevivência fora da Terra.

### Colonização de Marte

Os micro-organismos extremófilos também poderiam ser uma alternativa para que, um

dia, possa haver vida inteligente em Marte, como pretende o projeto Mars One, do engenheiro holandês Bas Landorp, que planeja instalar uma colônia humana em Marte a partir de 2025. Para alguns especialistas, determinadas bactérias poderiam ajudar a tornar realidade esse projeto, que, para muitos, ainda parece um roteiro de ficção científica. “Com a ajuda de bactérias que liberam oxigênio em seu metabolismo seria possível reconstituir a atmosfera de Marte”, afirma Eduardo Janot.

Para Douglas Galante, as soluções biotecnológicas desenvolvidas para garantir a ocupação de Marte poderiam gerar um grande aprendizado sobre uma utilização mais racional dos recursos disponíveis na Terra. “Para colonizar Marte, teremos de criar ferramentas para extrair água e oxigênio de fontes muito mais difíceis e para reprocessar e reutilizar todo tipo de dejetos”, diz ele. “Um exemplo disso é a técnica de dessalinização de água já usada em vários locais do mundo, que é baseada num projeto de reaproveitamento de urina desenvolvido para a indústria aeroespacial”, afirma.



Leito de rio marciano fotografado pela sonda Mars Express: cientistas acreditam que planeta já foi coberto por oceanos que abrigaram seres vivos

## Novas fronteiras

Dentro do Sistema Solar, a busca de vida fora da Terra não se restringe a Marte. Nos últimos anos, as luas geladas de Júpiter e Saturno também têm sido vistas como alguns dos ambientes mais propícios à vida fora de nosso planeta. “Em Europa, uma das luas de Júpiter, detectou-se, com medidas de radar, a presença de um oceano líquido dezenas de quilômetros abaixo da superfície”, diz Douglas. “Por tudo o que conhecemos da vida na Terra,

quando há água, há micro-organismos”, completa.

Caso essas medições se confirmem, a grande novidade estaria na fonte de energia que propicia a existência de vida. Diferentemente da Terra, onde a fonte primária de energia é o Sol, nos satélites jupiterianos essa fonte seria a proximidade do planeta gigante. Para se ter uma ideia, Júpiter possui massa 318 vezes maior do que a da Terra, um diâmetro 11 vezes superior ao terrestre e um volume 1.317 vezes maior. Esse tamanho lhe rende uma enorme força de atração,

capaz de esticar e dobrar o interior de suas luas cada vez que elas se aproximam, num processo que mantém o núcleo desses satélites aquecido. “É um processo semelhante ao de uma forja, em que você dobra um metal várias vezes, e ele acaba esquentando por essas deformações, afirma o pesquisador LNLS. “Se chegarmos a detectar a existência de seres vivos nessas luas, seriam formas de vida que independem da luz do Sol, que estariam, por exemplo, associadas a processos vulcânicos gerados por essa atividade gravitacional”, projeta.

## O que é a Missão Rosetta

A Missão Internacional Rosetta foi planejada pela Agência Espacial Europeia (ESA) com o objetivo de analisar o solo de um cometa, astro considerado um vestígio dos primórdios do Sistema Solar. Com custo de 1 bilhão de euros, a sonda Rosetta foi lançada em março de 2004 a bordo de um **foguete Ariane 5 (01)**, do Centro Espacial Europeu de Kourou, na Guiana Francesa. Em agosto de 2014, depois de viajar 400 milhões de quilômetros, ela entrou na órbita do **cometa 67P/Churyumov-Gerasimenko (02)**. A sonda foi batizada em homenagem à Pedra de Roseta, uma placa descoberta por soldados franceses em 1799, no Egito. Por possuir gravações de hieróglifos e sua tradução em grego, ela permitiu aos pesquisadores decifrar a escrita egípcia. Agora, os cientistas esperam que a **sonda Rosetta (03)** ajude a desvendar a origem do Sistema Solar. Dotada do **robô Philae (04)**, a sonda é equipada com uma série de instrumentos que permitem extrair amostras do solo, fazer experimentos e transmitir imagens para a Terra.



**Carga horária**

252h presenciais + 200h de estudo dirigido

## Aperfeiçoamento em Microbiologia Clínica

**Propósito principal** diagnóstico laboratorial das doenças infecciosas.

**Público alvo** graduados da área de saúde, biologia e profissionais atuantes em microbiologia médica.

## Aperfeiçoamento em Microbiologia Ambiental / Industrial

**Propósito principal** utilização de microrganismos para geração de produtos de interesse comercial.

**Público alvo** microbiologistas atuantes na área ambiental/ industrial

## Aperfeiçoamento em Microbiologia de Alimentos

**Propósito principal** origem e estabelecimento da microbiota de alimentos cárneos, lácteos e vegetais.

**Público alvo** graduados da área da saúde, em biologia, veterinária, engenheiros de alimentos e microbiologistas atuantes na área de alimentos.

**Local e Data** Quinzenalmente às sextas-feiras (19-23h) e aos sábados (9-18h)  
Universidade São Paulo – Campus Butantã

**Informações** Coordenação Pedagógica da SBM  
curso @sbmicrobiologia.org.br  
+55 11 3037-7095  
www.sbmicrobiologia.org.br – link “cursos”

**Carga horária**

904h compostas por 504 h presenciais, 200h de monografia e 200h de estudo dirigido.

## Especialização em Microbiologia Clínica

**Propósito principal** diagnóstico laboratorial das doenças infecciosas.

**Público alvo** graduados da área de saúde, biologia e profissionais atuantes em microbiologia médica.

## Especialização em Microbiologia Ambiental / Industrial

**Propósito principal** utilização de microrganismos para geração de produtos de interesse comercial.

**Público alvo** microbiologistas atuantes na área ambiental/ industrial

## Especialização em Microbiologia de Alimentos

**Propósito principal** origem e estabelecimento da microbiota de alimentos cárneos, lácteos e vegetais.

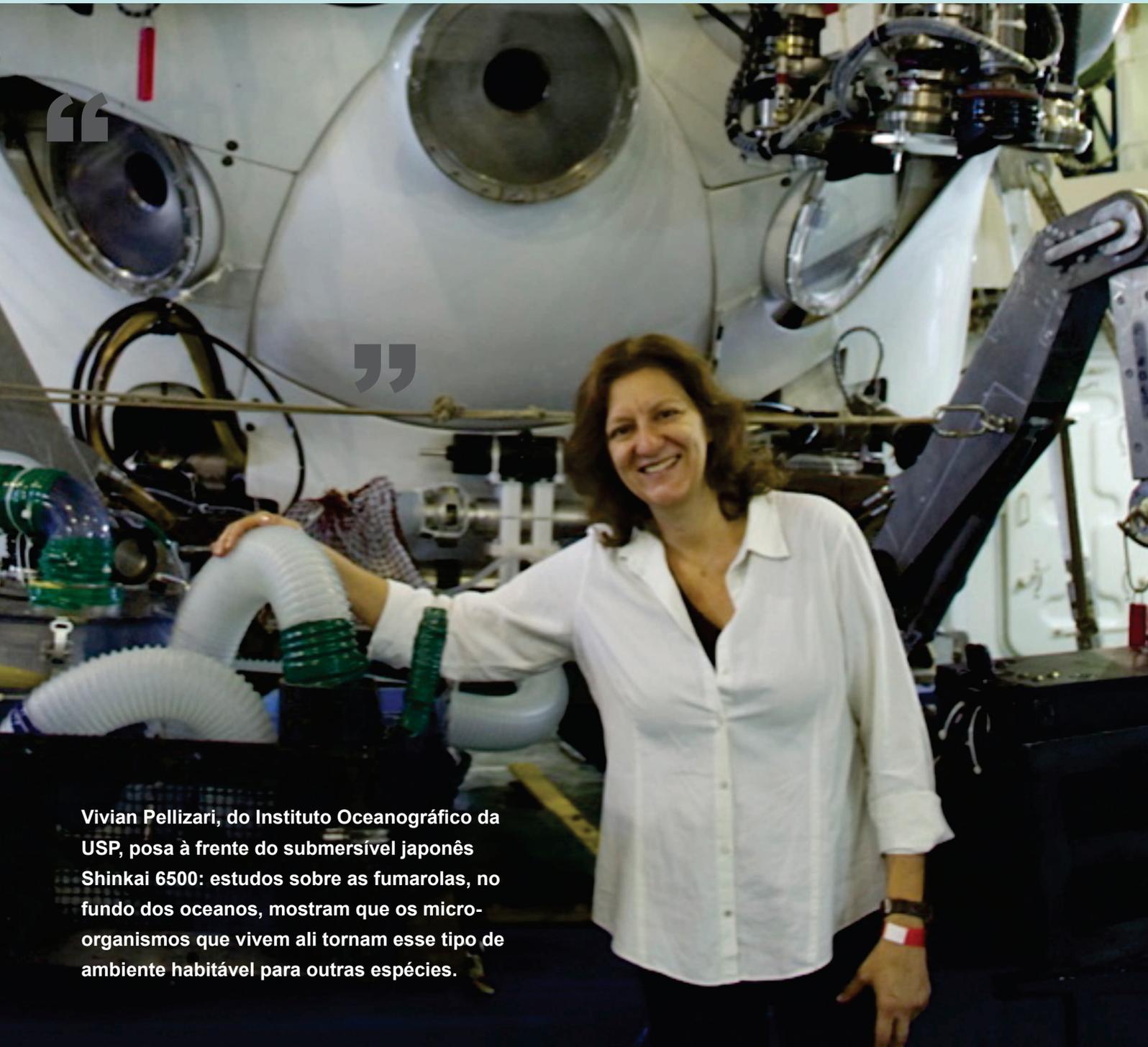
**Público alvo** graduados da área da saúde, em biologia, veterinária, engenheiros de alimentos e microbiologistas atuantes na área de alimentos.

**Local e Data** Quinzenalmente às sextas-feiras (19-23h) e aos sábados (9-18h)  
Universidade São Paulo – Campus Butantã

**Informações** Coordenação Pedagógica da SBM  
curso @sbmicrobiologia.org.br  
+55 11 3037-7095  
www.sbmicrobiologia.org.br – link “cursos”

# Um modelo para a vida fora da Terra

Vivian Pellizari, do Laboratório de Ecologia Microbiana do Instituto Oceanográfico da Universidade de São Paulo (USP,) falou à Microbiologia in Foco sobre a contribuição das pesquisas com extremófilos à busca de micro-organismos em outros planetas



Vivian Pellizari, do Instituto Oceanográfico da USP, posa à frente do submersível japonês Shinkai 6500: estudos sobre as fumarolas, no fundo dos oceanos, mostram que os micro-organismos que vivem ali tornam esse tipo de ambiente habitável para outras espécies.

Um artigo publicado em janeiro na revista *Astrobiology*, da agência espacial americana (NASA) sugere que leitos arenosos fotografados pelo robô *Curiosity* em solo marciano podem ter abrigado micro-organismos no passado. As imagens mostram uma formação que lembra um lago ressecado – um ambiente que, na Terra, é tipicamente ocupado por colônias de micro-organismos, que induzem a formação de estruturas sedimentares características. Após analisar as imagens do *Curiosity*, os autores do artigo constataram semelhanças entre as formações no solo marciano e estruturas esculpidas por micro-organismos na Terra. Segundo a geobiologista americana Nora Noffke, se encontradas em nosso planeta, tais formações seriam interpretadas como o registro de um ecossistema dominado por micróbios em um lago que, posteriormente, secou completamente. Mas que micro-organismos podem ter vivido em Marte? Esta é uma das respostas que os pesquisadores de seres extremófilos – como a brasileira Vivian Pellizari, do Laboratório de Ecologia Microbiana do Instituto Oceanográfico da Universidade de São Paulo (USP) – tentam responder. Vivian falou à *Microbiologia in foco* sobre a contribuição das pesquisas com extremófilos à *Astrobiologia*.

#### O que são extremófilos?

São organismos que conseguem viver em condições limites quanto a diferentes critérios, como nutrientes, PH, temperatura, pressão e radiação,

“

**Extremófilos são organismos que conseguem viver em condições limites quanto a diferentes critérios, como nutrientes, PH, temperatura, pressão e radiação, entre outros.**

“

**O estudo dos micro-organismos que, na Terra, vivem em ambientes com condições limitantes para a vida tornou-se um modelo para investigar a habitabilidade de outros planetas e astros.**

”

entre outros. São geralmente fungos, bactérias e arqueias -- micro-organismos procariontes que diferem das bactérias pela composição de sua parede celular, que lhes confere, inclusive, maior resistência a condições extremas.

#### Por que eles se tornaram objeto de estudo sobre a vida em outros planetas?

As missões espaciais começaram a trazer informações sobre a escassez de água, a quantidade de metano, a intensidade da radiação e a temperatura em outros corpos celestes. Por isso, o estudo dos micro-organismos que, na Terra, vivem em ambientes com condições similares e igualmente limitantes para a vida, tornou-se um modelo para investigar a habitabilidade de outros planetas e astros.

#### Alguns desses micro-organismos teriam o poder de tornar outro planeta habitável para os demais seres vivos?

Alguns estudos sobre a vida em oceano profundo, como por exemplo em ambientes de exudação termal e fumarolas, em que há escape de substratos específicos do subsolo oceânico, como os sulfetos e metano, mostram que são os micro-organismos que vivem ali que tornam esse tipo de ambiente habitável para as outras espécies. São micro-organismos quimiossintéticos, que conseguem sobreviver e gerar energia a partir de substratos inorgânicos na ausência de luz e mesmo em altas temperaturas, concentração de sulfeto e pressão hidrostática.

## Os extremófilos poderiam tornar um planeta apto à vida humana?

Na Terra, a atmosfera se tornou rica em oxigênio entre 2,5 e 2,3 bilhões de anos atrás, provavelmente depois de micro-organismos como as cianobactérias terem surgido, como indicam registros fósseis. Esses micro-organismos evoluíram a partir de ambientes que podem ter sido similares a áreas de exudação termal, como as que conhecemos hoje. Mas não sabemos quanto tempo foi necessário para que a atmosfera chegasse a um equilíbrio de  $O_2$  em 20%. As bactérias têm uma versatilidade metabólica imensa. É o caso daquelas que fazem quimiossíntese para produzir energia. Experimentos como o Biosphere 2, no Arizona, que tentou simular as condições de vida na Terra em um bioma de vidro habitado por sete pessoas, falharam após alguns meses devido ao balanço da respiração

microbiana no solo, o que fez a concentração de  $O_2$  cair até 14%. Outros experimentos têm sido planejados para propiciar a vida humana fora da Terra.

## O que as pesquisas de extremófilos na Antártida permitem deduzir sobre o tipo de vida que poderia haver no subsolo marciano?

*Permafrost* é um solo que permanece congelado ao longo de milhares a milhões de anos. Ele ocupa grande parte das áreas polares, como o Ártico e a Antártida. Pelo fato de a matriz de água do solo estar congelada, o *permafrost* consegue preservar as células vivas ou sob baixo estado metabólico durante milhares de anos. Os cientistas consideram *opermafrost* como um dos únicos ambientes em que células vivas conseguem ser preservadas ao longo de diferentes eras geológicas. O *permafrost* também ocorre em outros planetas onde há ou

houve água líquida. Muitos estudos indicam, por exemplo, que o planeta Marte tem uma extensa camada de *permafrost* logo abaixo da superfície do solo. Temos trabalhado com *permafrost* na área da estação científica do Brasil na Ilha Rei George e, neste ano, pela primeira vez, coletamos, dentro do Programa Antártico Brasileiro (Proantar), amostras de gelo diretamente no continente antártico, no Módulo Criosfera1. Esse material começou a ser analisado e já sabemos que, assim como nos lagos subglaciais, há células com tamanho de até 0,2 micrômetro. No ambiente oligotrófico, células com dimensões menores têm vantagem metabólica. Nas regiões polares, diversos habitats simulam condições análogas a ambientes que podem existir em Enceladus (lua de Saturno) e Europa (lua de Júpiter), aumentando nosso conhecimento sobre os limites para existência de vida na Terra e fora dela.



Limites para a vida: Vivian Pellizari e outros pesquisadores coletam amostras na Antártida

# Trajeto em 8 passos

Conheça alguns dos principais acontecimentos históricos associados ao desenvolvimento e consolidação da microbiologia como novo campo de estudos no Brasil

Fonte: <http://www.gmbahia.ufba.br/>



**Primeira edição da Gazeta Médica da Bahia: busca da etiologia das doenças**

**1º** 1866 – Início da publicação do periódico *Gazeta Médica da Bahia* e da Escola Tropicalista Baiana, movimento criado por médicos que se dedicaram à pesquisa da etiologia das doenças tropicais, em contraposição ao ensino médico oficial, então representado pela Faculdade de Medicina da Bahia e pela Faculdade de Medicina do Rio de Janeiro e que se fundamen-

tava na teoria miasmática, segundo a qual as doenças se originavam de emanções vindas do solo. O movimento tropicalista foi iniciado por Otto Edward Henry Wucherer, John Ligertwood Paterson e José Francisco da Silva Lima, com base nos conhecimentos médicos em voga na Europa. Suas investigações dariam origem a novas disciplinas, como anatomia patológica, parasitologia e bacteriologia, nos cursos de Medicina.

**2º** 1883 – Tentativa de Domingos José Freire desenvolver a primeira vacina contra a febre amarela. Professor de Química Orgânica e Biológica da Faculdade de Medicina do Rio de Janeiro e um dos médicos mais destacados da época, Domingos buscava uma arma para combater os frequentes surtos da doença na zona rural. Em 1880, ele havia publicado o livro

*Recueils des Travaux Chimiques suivis de Recherches sur la Cause, la Nature et le Traitement de la Fièvre Jaune*, em que divulgava a doutrina microbiana da febre amarela. Em 1883, recebeu do Ministro e Secretário de Estado dos Negócios do Império, Pedro Leão Velloso, a autorização para aplicar a vacina na população do Rio de Janeiro. O médico chegou a inocular 2.418 pessoas com bons resultados, segundo seus registros.



**Domingos José Freire: tentativa de uma vacina contra a febre amarela**

Fonte: Instituto Oswaldo Cruz



**Porto de Santos: via de entrada, no país, da epidemia de peste de 1899**

**3º** 1899 – Epidemia de peste bubônica em Santos. Após o reaparecimento da doença na cidade do Porto, em Portugal, a peste desembarcou no Brasil em outubro daquele ano, em Santos, São Paulo. Na época, o porto de Santos era o segundo mais movimentado do país e o principal canal para a exportação do café produzido no Brasil. Seguindo a rota das estradas de ferro, a peste

se espalhou pelo país e chegou à Capital Federal em apenas três meses. “O processo de urbanização do país, com a chegada de imigrantes e escravos às cidades, com condições ainda precárias, abria espaço para o surgimento de epidemias”, diz Nelson Ibañez, coordenador do Laboratório Especial de História da Ciência do Instituto Butantan, de São Paulo. “Por outro lado, isso aumentou o interesse do governo em incentivar políticas sanitaristas”, acrescenta.



1900 –

Criação da Fundação Oswaldo Cruz, no Rio de Janeiro.

Originalmente chamada de Instituto Soroterápico Federal, a entidade, criada por Oswaldo Cruz, tinha como objetivo fabricar soros e vacinas contra a peste. Pelo mesmo motivo, o Serviço Sanitário de São Paulo, dirigido por Emilio Ribas, instalou na Fazenda Butantan, nos arredores da capital paulista, um laboratório de produção de soro antipestoso. Inicialmente, o laboratório era ligado ao Instituto Bacteriológico, comandado por Adolfo Lutz, mas, em 1901, tornou-se uma instituição autônoma, com o nome de Instituto Serumtherápico. O primeiro diretor da instituição, hoje Instituto Butantan, foi Vital Brazil, ex-assistente de Lutz. Ali,



Fonte: Instituto Oswaldo Cruz

Sede da Fundação Oswaldo Cruz, em 1920: o antigo Instituto Soroterápico Federal foi criado para fabricar no país soros e vacinas contra a peste

seriam desenvolvidas vacinas contra o tifo, varíola, tétano, disenteria bacilar e tuberculose. A criação dessas duas instituições é considerada um

marco fundador da história da Microbiologia no Brasil, responsável pela formação da primeira geração de cientistas da área no Brasil.



Fonte: casa de Oswaldo Cruz/Fiocruz Bireme/OPAS/IOMS  
Museu Nacional Instituto Adolfo Lutz



Instalações do Serviço Sanitário do Estado de São Paulo, em 1905: instituição era comandada por Emilio Ribas (detalhe), que se deixou picar pelo *aedes aegypti* para provar que o inseto era o vetor da febre amarela



1903 – Para derrubar a crença, ainda presente em boa parte da população e da comunidade médica, de

que o contágio da febre amarela se dava pelo contato com as secreções dos doentes, o médico Emilio Ribas faz uma experiência radical: tranca-se em uma sala com voluntários até ser picado pelo mosquito *aedes aegypti*, enquanto em outra sala um grupo de voluntários dorme usando roupas de doentes com febre amarela. Após ser infectado e ficar de cama durante algumas semanas, Ribas demonstra que o micro-organismo causador da doença é transmitido pelo mosquito.



1904 –  
Revolta da Vacina. Por causa dos surtos de varíola, o médico sanitarista Oswaldo Cruz convenceu o Congresso a aprovar a Lei da Vacina Obrigatória. Com a medida, brigadas sanitárias, acompanhadas por policiais, poderiam entrar nas casas da população para aplicar a vacina à força. Informações sobre supostos perigos da vacina, divulgadas por jornais de oposição ao governo e o boato de que ela era aplicada nas partes íntimas despertaram a desconfiança popular, desencadeando uma série de manifestações e confrontos. A rebelião chegou ao fim com a suspensão da obrigatoriedade da vacina. Ao combater a febre amarela, na mesma época, Oswaldo Cruz também enfrentou a oposição popular ao desafiar a prescrição das desinfecções – tratamento tradicional contra a

moléstia – e defender a adoção de brigadas, apelidadas de 'mata-mosquitos', que percorriam quintais e jardins para eliminar os focos de insetos. Em 1907, a febre amarela foi erradicada do Rio de Janeiro, feito que rendeu a Oswaldo Cruz uma medalha de ouro no XIV Congresso Internacional de Higiene e Demografia de Berlim.



Fonte: Biblioteca Nacional RJ

**Bonde tombado por manifestantes durante a Revolta da Vacina, em 1904: população do Rio de Janeiro se rebelou contra a vacinação obrigatória**

de Itatinga, em 1905. Na época das chuvas, o canteiro da obra paulista se transformava numa várzea que funcionava como viveiro para mosquitos anófeles. Como resultado, a malária quase paralisou a construção, que mobilizava 3.000 operários. Chamado ao local, Carlos Chagas investigou as espécies mosquitos, os depósitos de larvas e os reservatórios de hematozoários, como crianças e antigas vítimas da doença, para determinar os tipos de parasitas que hospedavam. Os exames de sangue revelaram mais de 30% de infectados, alguns com sintomas agudos e outros com parasitas no sangue. Depois de detectar que o agente etiológico mais comum em Itatinga era o *Plasmodium vivax*, Chagas empreendeu uma campanha de eliminação das larvas, proteção das casas, e tratamento das crianças infectadas e dos doentes crônicos, além da quinição preventiva dos operários.

foi erradicada do Rio de Janeiro, feito que rendeu a Oswaldo Cruz uma medalha de ouro no XIV Congresso Internacional de Higiene e Demografia de Berlim.

de Itatinga, em 1905. Na época das chuvas, o canteiro da obra paulista se transformava numa várzea que funcionava como viveiro para mosquitos anófeles. Como resultado, a malária quase paralisou a construção, que mobilizava 3.000 operários. Chamado ao local, Carlos Chagas investigou as espécies mosquitos, os depósitos de larvas e os reservatórios de hematozoários, como crianças e antigas vítimas da doença, para determinar os tipos de parasitas que hospedavam. Os exames de sangue revelaram mais de 30% de infectados, alguns com sintomas agudos e outros com parasitas no sangue. Depois de detectar que o agente etiológico mais comum em Itatinga era o *Plasmodium vivax*, Chagas empreendeu uma campanha de eliminação das larvas, proteção das casas, e tratamento das crianças infectadas e dos doentes crônicos, além da quinição preventiva dos operários.



Crédito: EPM/Divulgação

**Fundação da Escola Paulista de Medicina**



Crédito: Luiz Brito/Divulgação

**Ferrovia Madeira-Mamoré, em 1910**

1905 – A construção de ferrovias pelo interior do país deu um grande impulso ao uso da pesquisa laboratorial como ferramenta de combate às doenças infecciosas. É o caso da ferrovia Madeira-Mamoré, em Rondônia, ou da estrada de ferro construída entre Santos e São João



1933-  
Institucionalização da microbiologia. Em 1933, o médico bacteriologista e imunologista Otto Bier integra o grupo fundador da Escola Paulista de Medicina (EPM), atual Universidade Federal de São Paulo (Unifesp). Ali, ele se tornou professor catedrático de microbiologia até o ano de 1968.



# Esperança renovada na luta contra o ebola

Duas vacinas contra a doença já começaram a ser testadas em larga escala em humanos na Libéria, Guiné e Serra Leoa. Mas a corrida para desenvolver uma arma segura e eficaz para a prevenção de novos surtos dessa febre hemorrágica prossegue no resto do mundo



Crédito: UN Photo/Albert González Farran

**Testes clínicos de fase 3: milhares de pessoas devem receber uma das duas vacinas nos países mais afetados pelo ebola**

Desde outubro do ano passado, a epidemia de ebola vem perdendo força na África Ocidental. Mas, segundo os especialistas, há uma grande probabilidade de que haja novos surtos num futuro próximo. Por isso, vários países estão cooperando em um grande esforço para realizar testes clínicos de fase 3 de duas vacinas contra a doença naquele continente. Uma delas,

fabricada pelo laboratório Merck, e outra, desenvolvida pela GlaxoSmithKline, foram as escolhidas para os testes de larga escala em humanos, depois de estudos iniciais com voluntários nos Estados Unidos, Suíça, Alemanha e Inglaterra, entre outros países, terem indicado sua segurança e eficácia. Um artigo publicado no *The New England Journal of Medicine*, no início de

abril, mostrou que a vacina do laboratório Merck – produzida a partir de um vírus atenuado da estomatite vesicular, geneticamente modificado para transportar glicoproteínas do vírus do ebola e, assim, induzir uma resposta imunológica contra a doença – conseguiu estimular a produção de anticorpos em todos os 40 pacientes humanos inoculados durante os testes da fase 1.

Agora, o objetivo é realizar testes mais amplos em voluntários dos três países africanos mais afetados pelo ebola. Os planos para a Libéria são os mais ambiciosos. Ali, pesquisadores dos National Institutes of Health, dos Estados Unidos, e seus pares liberianos esperam arregimentar mais de 27.000 participantes para os estudos. Os voluntários, que poderão receber uma das duas vacinas ou placebo, serão recrutados em 10 cidades e na região metropolitana da capital, Monróvia. Desde o início de março, pelo menos 600 pessoas já foram vacinadas no país. Em Serra Leoa, onde a expectativa é cadastrar de 6.000 a 8.000 voluntários, os testes vão priorizar profissionais da área médica, equipes de atendimento de emergência e agentes de saúde, considerados um grupo de risco para o contágio pelo ebola. No

país, a iniciativa não incluirá placebos e aguarda a aprovação do Conselho de Farmácia local.

Para as autoridades envolvidas nos estudos, o grande desafio para o sucesso dos testes será desfazer os boatos que, durante o surto de ebola, fizeram com que a população resistisse ao tratamento médico, o que acabou fazendo com que a epidemia atingisse grandes proporções, infectando 24.000 pessoas e provocando mais de 10.000 mortes, segundo os números mais recentes da Organização Mundial de Saúde. Para romper a desconfiança, Stephen Kennedy, líder da equipe liberiana envolvida nos testes, convidou a imprensa local para registrar sua imunização. Resta saber se o primeiro passo dado pelo pesquisador será suficiente para transformar em realidade a esperança de contar, até o fim do ano, com uma vacina capaz de

pôr fim ao rastro de mortes deixado pelo ebola.

## Outras estratégias

Apesar do estágio mais avançado desses estudos, em outras partes do mundo, a comunidade científica continua trabalhando em novas candidatas a vacinas contra o ebola. Pesquisadores das universidades de Madison e Wisconsin, nos Estados Unidos, por exemplo, propuseram uma versão produzida a partir do vírus inteiro do ebola, com o gene VP30 inativado, para bloquear o potencial patogênico do micro-organismo.

A segurança da vacina é reforçada por uma segunda inativação do vírus, por meio do uso de peróxido de hidrogênio. Nos testes com macacos, a inoculação de uma ou duas doses foi suficiente para garantir a proteção contra infecção, quando os animais foram expostos ao vírus Ebola Zaire.



Foto: UN Photo/Martine Perret

**Profissional de saúde faz atendimento de caso de ebola em Serra Leoa: categoria será prioridade entre os 8.000 voluntários que devem testar a vacina no país, onde não haverá grupos de controle, com inoculação de placebo**



Foto: UN Photo/Martine Perret

### Atendimento psicossocial a famílias liberianas que perderam parentes para o ebola: autoridades sanitárias terão desafio de desfazer medo da vacina

Várias candidatas a vacinas contra o ebola estão em fase de testes clínicos, mas ainda há questionamentos sobre sua segurança e sobre a alta dosagem necessária para garantir sua eficácia. No caso das vacinas baseadas no vírus vivo, em particular, muitos testes foram interrompidos por causa de efeitos colaterais, relata a revista *Science*, da American Association for the Advancement of Science, ao apresentar o artigo *An Ebola Whole Virus Vaccine Is Protective In Nonhuman Primates*, publicado na edição de 27 de março. Daí a relevância dos resultados promissores, ainda que preliminares, da nova estratégia vacinal contra o ebola.

### Múltiplas abordagens

Atualmente, os principais modelos de vacinas contra o ebola se dividem em dois grupos. O primeiro é baseado no uso de

algumas glicoproteínas do vírus do ebola, responsáveis por desencadear a reação imunológica no organismo humano. A segunda modalidade usa outros micro-organismos como vetores de DNA do Ebolavírus. É o caso da vacina da GlaxoSmithKline, que recorre a um adenovírus de chimpanzés, incapaz de se replicar, para transportar material genético de duas cepas do vírus do ebola. “Na prática, um pedaço do Ebolavírus é colocado dentro de outro vírus não patogênico”, explica Maurício Lacerda Nogueira, do Laboratório de Pesquisas em Virologia do Departamento de Doenças Dermatológicas, Infecciosas e Parasitárias da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto (Famerp).

Para produzir sua vacina, os autores do estudo das universidades de Madison e Wisconsin optaram por vírus inteiros para desencadear uma

resposta imune mais ampla e robusta do que vacinas que transportam apenas algumas proteínas virais. “Vacinas que recorrem a vírus inteiros, vivos atenuados ou inativos, têm uma longa história de sucesso, oferecendo proteção contra doenças potencialmente letais, como varíola, gripe, caxumba e sarampo”, dizem os pesquisadores no artigo. Depois, os cientistas liderados por Andrea Marzi e Peter Halfmann retiraram do Ebolavírus da cepa Mayinga a área responsável por ativar a transcrição viral, impedindo sua replicação. Na fase de testes com primatas, a biossegurança da vacina foi reforçada por meio de um tratamento com peróxido de hidrogênio, garantindo a inativação completa do vírus. “A irradiação com raios gama é o procedimento tradicional para a inativação do Ebolavirus, mas pode alterar o potencial antigênico e a eficácia protetora da vacina”, justificam os autores.

Quatro semanas após a imunização, os macacos usados nos testes foram expostos a uma dose letal do vírus do ebola. “Enquanto os indivíduos do grupo de controle tiveram de ser eutanasiados, todos os animais imunizados uma vez ou duas vezes com a vacina EBOVΔVP30 sobreviveram”, dizem os autores. “Por outro lado, todos os macacos que receberam o vírus inativado por radiação gama desenvolveram sintomas severos da doença e tiveram de ser sacrificados”, acrescentam. Para os pesquisadores, os resultados indicam a eficácia da vacina em desencadear a reação dos anticorpos ao vírus do ebola. Mais um avanço na busca por uma arma eficaz e segura para prevenir a mais mortífera epidemia da história recente do continente africano.



De 18 a 22 de Outubro de 2015  
Florianópolis - Santa Catarina - Brasil  
[www.sbmmicrobiologia.org.br](http://www.sbmmicrobiologia.org.br)

## Prezados(as) Colegas Microbiologistas

É com enorme satisfação que informamos que o 28º Congresso Brasileiro de Microbiologia, organizado pela Sociedade Brasileira de Microbiologia (SBM) será realizado no período de 18 a 22 de Outubro de 2015, no Centro Sul – Centro de Convenções de Florianópolis, localizado na cidade de Florianópolis - Santa Catarina - Brasil.

Estamos trabalhando para elaborar um evento de alto nível científico e planejamos oferecer uma programação científica atrativa que abordará temas relevantes e atuais para que você se sinta estimulado a participar. Comece a se preparar para participar deste congresso que está sendo formatado pensando em oferecer, com conforto e qualidade, ciência de alto nível e a oportunidade de aproveitar tudo de bom o que a cidade de Florianópolis e região têm a oferecer.

Estamos certos de que o 28º CBM será um sucesso!

Prof. Dra. Marina Baquerizo Martinez  
Presidente da SBM

Organização



Apoio



# MICROBIOMA DE SOLOS BRASILEIROS: UMA VISÃO GERAL

*Fernando Dini Andreote, Simone Raposo Cotta, Armando Cavalcante Franco Dias.*

Departamento de Ciência do Solo, ESALQ/USP

## RESUMO

O Brasil é reconhecido mundialmente como uma importante zona de hotspot de diversidade, assumindo o posto de principal nação entre os países considerados megadiversos. O que torna o país tão diverso é a ocorrência em seu território de diferentes biomas, refletindo numa enorme riqueza de flora e fauna. No entanto, um grupo ainda pouco conhecido quanto a sua diversidade e funcionalidade é composto por microrganismos que permeiam esses diferentes biomas. Durante as últimas décadas observou-se um avanço na utilização das metodologias independentes de cultivo e o acesso a grupos microbianos não cultivados, o que permitiu a observação de uma diversidade

microbiana superior à estimada. Essa revisão utiliza como referência os solos dos principais biomas brasileiros, na busca de compreender a ocorrência e a funcionalidade desses microrganismos nesses sistemas. Serão abordados temas como o conceito de microbioma e uma breve atualização nas metodologias independentes de cultivo.

## INTRODUÇÃO

A ecologia microbiana se revolucionou com a utilização de metodologias de estudo independentes de cultivo, onde o acesso à grande maioria dos micro-organismos fez-se possível, revelando uma

diversidade muito maior do que a esperada. A complexidade das comunidades microbianas aumenta de acordo com a riqueza de espécies e a abundância das mesmas, o que elege o solo como o ambiente mais desafiador para o estudo da ecologia microbiana.

Dentro desta temática, muitos desafios podem ser traçados. No entanto, nem mesmo o primeiro deles, que consiste na descrição dos grupos que compõem as comunidades microbianas, está completamente decifrado nos solos brasileiros. Apesar do crescente número de estudos nestes ambientes, pouco se conhece sobre a extensão da diversidade e o papel funcional do microbioma presente nos solos de biomas brasileiros.

Parte deste desafio se dá em função das particularidades atribuídas a estes microbiomas, determinadas pelas peculiaridades dos ambientes encontrados em nosso país, promovida pela variação climática e geológica, fatores determinantes nos processos de formação dos solos, e conseqüentemente as formas de vida (principalmente os vegetais) que compõem os biomas. Em todos estes ambientes, a comunidade microbiana responde pela base da cadeia trófica, suprindo nutricionalmente as plantas, e interferindo nos processos biogeoquímicos e geomorfológicos que ocorrem nos solos que os sustentam. Adicionalmente, temos em nosso território, solos muito distintos daqueles observados nas áreas onde as comunidades microbianas são mais amplamente estudadas, como em regiões de clima temperado. Outro fator que pode levar a ocorrência de processos seletivos únicos é a utilização de práticas agrícolas específicas para nosso clima e compatíveis com nossos tipos de solo, como por exemplo, o plantio direto.

Sobre este cenário heterogêneo e bastante dinâmico (devido às inovações promovidas pelo desenvolvimento

metodológico de diferentes técnicas de análise microbiana), desafiador (pela complexidade), importante e promissor (pelas peculiaridades brasileiras) se desenvolve este documento, o qual visa relatar os avanços obtidos e os estudos em desenvolvimento com o objetivo de decifrar a estrutura e funcionalidade do microbioma de solos brasileiros.

### ***Biomas e solos brasileiros – características e peculiaridades***

O Brasil, em sua dimensão continental, hospeda diferentes biomas (Figura 1a), os quais juntos correspondem a aproximadamente um terço das áreas naturais ainda intactas no planeta, tornando nossa nação um dos maiores reservatórios de biodiversidade terrestre (<http://brazilbiodiversity.org/>). O valor da biodiversidade dos biomas brasileiros é incalculável, principalmente devido ao potencial que possuem para o benefício do homem, do meio ambiente e do uso sustentável na agricultura e pecuária. Esta ampla biodiversidade e heterogeneidade de biomas distribuída em todo o território nacional abriga uma enormidade de ecossistemas distintos, os quais se

apresentam sob condições ambientais particulares, e são sustentadas por diferentes tipos de solo.

Pode-se listar como biomas encontrados no território brasileiro a Amazônia, a Caatinga, o Cerrado, o Pantanal, a Mata Atlântica e o Pampa (Figura 1a). A Amazônia é a maior floresta tropical do mundo, ocupando uma área de 5.500.000 km<sup>2</sup>, divididos em 9 países (dos quais o Brasil hospeda a maior parte). Este bioma encontra-se em constante processo de desmatamento, principalmente causado pela exploração ilegal das áreas, usadas para extração de madeira, e para expansão das fronteiras agrícolas (Ministério do Meio Ambiente, 2002).

A Caatinga é o único bioma endêmico do Brasil, composta por uma área total de 850.000 km<sup>2</sup> (cerca de 10% do território nacional) (Giulietti *et al.*, 2006), distribuída ao longo do semiárido do nordeste do Brasil, estendendo-se por vários estados brasileiros (Sampaio *et al.*, 2000). Este bioma teve sua área diminuída nos últimos anos, principalmente devido ao processo de desertificação (Ministério do Meio Ambiente, 2002), o que torna indiscutível a necessidade de pesquisas voltadas para o conhecimento da

microbiota associada a este ambiente, principalmente àquelas com enfoque nos microrganismos do solo, os quais sobrevivem sob condições de alto estresse hídrico, altas temperaturas e elevada incidência de radiação solar.

O Cerrado ocupa uma região de aproximadamente 2.050.000 km<sup>2</sup> (distribuída em oito estados brasileiros), sendo considerado junto à caatinga, como os biomas de savanas tropicais. Devido à expansão agrícola intensificada nas últimas décadas, principalmente proporcionado por práticas de agricultura extensiva, este bioma vem sendo constantemente modificado quanto ao uso de suas áreas. O bioma de cerrado foi considerado não agricultável até a década de 60, sendo após este período observado um contínuo aumento na utilização dessas áreas para a produção agrícola nacional, o que torna o cerrado hoje o grande cinturão verde brasileiro (Souza *et al.*, 2005). Esta revolução se fez possível devido a adoção de novas práticas de manejo, dentre as quais se destaca o uso da prática de gessagem, que reduz as quantidades de alumínio, que ocorre naturalmente nos solos desta região, juntamente com a calagem, que corrige o pH do

solo, e o aumento da quantidade de matéria orgânica, promovido pela implementação da tecnologia de plantio direto (Michereff and Barros, 2001; Novais *et al.*, 2007).

O Pantanal é um bioma adjacente ao cerrado, caracterizado por períodos de alagamento de grande fração de suas terras em determinadas épocas do ano. Este bioma tem uma área de aproximadamente 250.000 km<sup>2</sup>, distribuídos entre Brasil, Paraguai e Bolívia (Silva and Abdon, 1998; Junk *et al.*, 2006). A variação no nível das águas nesta região, entre os períodos de cheia e vazante caracterizam este ambiente, o qual permanece ainda pouco explorado em relação à diversidade e funcionalidade microbiana, e ainda intocado no que diz respeito à exploração dos recursos naturais presentes nessas áreas. A atividade humana de destaque nas áreas do pantanal caracteriza-se pela pecuária extensiva (Abreu *et al.*, 2006).

A Mata Atlântica é o bioma que hospeda maior diversidade de animais e plantas. Com isto, estudos sobre a estrutura e o funcionamento deste bioma são particularmente relevantes, considerando que as áreas restantes de vegetação nativa

estão inseridas em uma matriz extremamente alterada pela ação antrópica (Ministério do Meio Ambiente, 2002; Santos *et al.*, 2014). A grande diversidade biológica presente no solo deste bioma deve-se, entre outras razões, à distribuição Norte-Sul dessa floresta, à existência de consideráveis diferenças geológicas e de altitude, além das grandes transformações que a região sofreu em função das intensas mudanças climáticas pelas quais passou em distintos períodos geológicos (Thomas *et al.*, 1998). Dentro do bioma Mata Atlântica destaca-se a ocorrência do ecossistema de manguezais, amplamente distribuídos mundialmente, cobrindo cerca de 60 a 75% da linha costeira tropical e subtropical. A importância deste ecossistema reside em sua elevada produtividade biológica, com alta diversidade de peixes, crustáceos, moluscos, aves, répteis e mamíferos (Holguin *et al.*, 2001; Holguin *et al.*, 2006).

O Pampa é um bioma de pradaria, localizado na região sul do Brasil, no Uruguai e Argentina (que abriga sua maior área). Este bioma apresenta características únicas devido a sua localização em região de clima temperado. A área do Pampa é de 750.000 km<sup>2</sup>, sendo aproximadamente 15% destes localizados em território

nacional (Ministério do Meio Ambiente, 2002; Roesch *et al.*, 2009).

Vale ainda comentar que um dos biomas mais explorados atualmente no Brasil é de origem antrópica, e ocorre sobre os mais diferentes tipos de solo, de forma imersa aos demais biomas. O bioma agrícola, presente de forma fracionada e diferenciada ao longo de todo o território nacional, ocupa atualmente cerca de 70 milhões de ha, o que corresponde a aproximadamente 8,2% do território nacional (IBGE – fevereiro de 2014). Este bioma originou-se como consequência das alterações em propriedades físicas, químicas e biológicas dos solos, sendo importante a inclusão do mesmo em aproximações que buscam entender o funcionamento a as características de solos brasileiros. Dessa forma, conhecer os fatores que modulam a diversidade microbiana neste sistema e sua influência no desenvolvimento das plantas, mostra-se como uma importante estratégia para levar a produção agrícola a um patamar de alta sustentabilidade.

A classe de solos predominantes no Brasil são os Latossolos, amplamente distribuídos no território nacional, e sobre os quais se desenvolvem

grande parte dos biomas brasileiros (Figura 1a). Este tipo de solo é extremamente abundante na região do Brasil Central e constitui as áreas de cerrado, onde se concentra a maior parte da produção agrícola brasileira (Figura 1b). São solos altamente intemperizados, com baixa capacidade de troca iônica (CTC), distróficos, ácidos, bem drenados e basicamente constituídos de minerais do tipo 1:1 (caulinita, por exemplo) e óxidos e hidróxidos de ferro e alumínio, sendo, portanto, de baixa fertilidade natural (Ker, 1997). Apresentam propriedades físicas, como a microagregação, que favorece a estruturação do solo, facilitando a percolação e a retenção da água, conferindo-lhe um caráter friável quando úmido, permitindo a penetração do sistema radicular das culturas. Portanto, estes são solos altamente responsivos ao manejo voltado para a construção de sua fertilidade, correções, adubação e mecanização. Além dos latossolos, observa-se ainda a cobertura de grandes áreas por solos classificados como Argissolos (Figura 1b), o qual tem como principal característica a presença de horizonte diagnóstico B textural, oriundo de acúmulo subsuperficial de argila, com profundidade e drenagem

variáveis (Vidal-Torrado *et al.*, 2005).

A relação entre o tipo de solo e o ecossistema que o mesmo sustenta pode ser visualizada facilmente em algumas ocasiões. Os solos hidromórficos Cambissolos, Neossolos Flúvicos e Gleissolos são típicos do pantanal, onde a flutuação das águas e a restrição de drenagem resultam num sistema altamente sujeito a períodos de anaerobiose, acúmulo de sedimentos aluviais e coloração acinzentada (Buol, 1997; Lepsch, 2011). Este mesmo tipo de observação também é possível para os Organossolos, os quais são predominantemente formados em várzeas e em áreas de litoral sob condição de inundação fluvial, como por exemplo, nos manguezais (um ecossistema do bioma Mata Atlântica) (Otero *et al.*, 2009; Ferreira *et al.*, 2010). Estes solos, por serem comumente ricos em matéria orgânica e anaeróbios, possuem um maior potencial de seleção para sua ocupação, apresentando, portanto, menor diversidade de plantas.

Um fator ambiental também importante, tanto na distribuição dos biomas, como dos solos encontrados no Brasil, está relacionado com o clima, dentro do qual são determinantes

a temperatura média e o regime de pluviosidade da região. Na maior parte do território nacional, dominada por regiões tropicais e subtropicais com altas temperaturas, umidade e boa drenagem, ocorre o favorecimento do processo de intemperismo (Buol, 1997; Lepsch, 2011). Na região Nordeste, devido à escassez de água, este processo é mais lento, o que leva a predominante formação de solos pouco intemperizados como os Neossolos, ou ainda solos com minerais de argila 2:1 (esmectitas, por exemplo), como os Vertissolos (Buol, 1997; Kampf *et al.*, 2000; Lepsch, 2011). A formação de argila 2:1 também ocorre em regiões de clima temperado, mais especificamente no Sul do Brasil, onde predomina a formação de montmorilonita, juntamente com uma lenta decomposição de material orgânico, dando origem a solos de alta CTC e alta saturação por bases ( $V\% > 50$ ), como os Chernossolos, Luvisolos e Cambissolos (Buol, 1997; Kampf *et al.*, 2000; Lepsch, 2011)

### **Biologia do solo**

Parte essencial do sistema solo, os organismos que o habitam possuem funções de grande

importância, sendo estas tidas atualmente como mais essenciais do que previamente imaginado. Pode-se enumerar dentre as mais diferentes funções atribuídas a estes, aquelas mais amplamente conhecidas, como a degradação de compostos orgânicos, e conseguinte ciclagem de nutrientes (Giller, 1996; Miransari, 2013; Graham *et al.*, 2014), e aquelas mais específicas, como a fixação biológica de nitrogênio (Raymond *et al.*, 2004; Baldani *et al.*, 1997), ou o auxílio às plantas na absorção de nutrientes (Miransari, 2013; Chagnon *et al.*, 2013).

No entanto, antes de comentar mais especificamente sobre estas funções, faz-se necessário descrever os grupos de organismos que fazem parte da fração viva do solo, uma vez que estes são amplamente diversos (Brady and Weil, 2013), englobando desde organismos procarióticos, como bactérias e arqueias (que compreendem dois dos três domínios da vida); e organismos eucarióticos, onde se destacam os fungos. Também estão presentes os insetos, os nematóides, os protozoários, as algas, os oligoquetas (minhocas); e até mesmo os vírus, que tem seu papel ainda muito pouco explorado neste ambiente (Brady and Weil, 2013).

As diferentes classes de organismos são por vezes estudadas separadamente, e seletivamente chamadas de fauna do solo (organismos maiores), e microfauna do solo (organismos menores) (Giller, 1996). Dentre as funções atribuídas aos componentes da fauna do solo se destacam a degradação inicial de componentes orgânicos (incorporação e trituração), e a atuação na estruturação dos solos (Giller, 1996), sendo estes organismos também usados para se correlacionar a qualidade do solo com a presença ou abundância dos mesmos (Camara *et al.*, 2012; Bartz *et al.*, 2013). Já em relação aos organismos de menor tamanho, as funções são mais numerosas, principalmente devido a maior diversidade metabólica encontrada em bactérias, fungos e arqueias quando comparados aos demais organismos componentes da biologia do solo. Esta maior diversidade está diretamente relacionada a variabilidade genética e metabólica presente em tais organismos, o que se deve a origem e evolução dos mesmos, tornando-os o componente principal do metabolismo do sistema solo. Esta essencialidade se dá pelas funções

desempenhadas de forma exclusiva pelos microrganismos, e por sua dominância numérica sobre os demais (Giller, 1996). Assim sendo, pode-se justificar a essencialidade do conhecimento sobre a organização dessas comunidades e seu funcionamento para o completo entendimento do sistema solo.

Ainda dentro de linhas gerais, pode-se enumerar dois grupos microbianos tidos como os maiores exemplos do benefício dos microrganismos no desenvolvimento vegetal: os relacionados com a fixação biológica do nitrogênio e os capazes de formar micorrizas (Moreira and Siqueira, 2006; Raymond *et al.*, 2004; Moreira *et al.*, 2007; Chagnon *et al.*, 2013). Essas interações são amplamente estudadas, sendo muitos detalhes que regem estes tipos de simbioses são descritos na literatura. No entanto, a diversidade microbiana presente nos solos é enorme, e muitos outros processos podem ocorrer em caráter essencial na manutenção deste sistema, influenciando no desenvolvimento das plantas. Assim sendo, o grande desafio reside em descrever esses processos, e manipulá-los de forma otimizada, obtendo assim maior eficiência energética na

produção vegetal. A visão de uma vasta diversidade microbiana é ainda recente, uma vez que esta foi apenas obtida com a utilização de métodos independentes de cultivo. Assim sendo, novas tecnologias tem nos permitido acessar e entender com maior profundidade a complexidade biológica do sistema solo.

### **O termo microbioma**

O termo microbioma foi usado pela primeira vez por Joshua Lederberg, que o definiu como 'a comunidade ecológica de microrganismos comensalistas, simbioses ou patogênicos, que literalmente ocupam o espaço de nosso corpo', se referindo nesta ocasião ao microbioma humano (Lederberg and McCray, 2001). Já em 2002, esta definição foi simplificada com o 'microrganismos associados aos humanos' (Relman, 2002; Turnbaugh *et al.*, 2007, *The Human Microbiome Project Consortium*, 2012). Sabe-se hoje que o Microbioma Humano é composto por 10 vezes mais células microbianas do que o número de células humanas que compõem nosso corpo. Em número de genes, esta proporção é ainda maior, com 1 gene humano para cada 100 genes microbianos. Esta enorme

diversidade de organismos e funções tem sido referenciada como sendo um órgão vivo, do qual dependemos para exercer diversas funções vitais, como por exemplo, a regulação de diversos processos fisiológicos, o auxílio na digestão e absorção de nutrientes, a resistência a patógenos, entre outras (Ley *et al.*, 2006; The Human Microbiome Project Consortium, 2012). Alguns dos exemplos da funcionalidade deste 'órgão microbiano' revelam que 36% das moléculas encontradas em nosso sangue é produzida por microrganismos associados ao nosso trato digestivo (Nicholson *et al.*, 2012). Outro trabalho mostra a resposta fenotípica de camundongos inoculados com microbiomas oriundos de indivíduos obesos ou magros, onde se observou o fenótipo do organismo doador em receptores desprovidos de microbiota própria (Turnbaugh *et al.*, 2006).

Atualmente este termo é usado para descrever o conjunto de microrganismos que hospedam um determinado hospedeiro, ou que ocupam conjuntamente um ambiente (Boon *et al.*, 2014; Ofek *et al.*, 2014). Boon *et al.* (2014) propõem que a melhor definição de microbioma seria aquela relacionada ao conjunto de genes

encontrados de maneira associada aos organismos que colonizam um determinado ambiente. Esta definição é estruturada de forma a eliminar as variações causadas quando apenas inferências taxonômicas são feitas para caracterizar os microbiomas. Apesar de a informação taxonômica ser a forma mais utilizada para este tipo de estudo, sabe-se que comunidades microbianas complexas apresentam altas taxas de transferência de material genético, o que faz com que as funções ecológicas e metabólicas possam ser exercidas por organismos distintos (*i.e.* redundância metabólica), tornando a descrição taxonômica dependente de uma associação com sua descrição funcional. Assim sendo, estes autores sugerem que a melhor forma de descrever um microbioma está na descrição robusta dos genes que o compõe, e, por conseguinte, das funções que podem ser desempenhadas pela microbiota associada a determinado hospedeiro ou ambiente.

Dentro desta maior abrangência, e contrastante com os exemplos de estudo do microbioma humano, apresenta-se o estudo do microbioma dos solos, amplamente desafiadores, principalmente em função da

grande diversidade nas formas de vida contidas neste ambiente e a heterogeneidade dos mesmos. A melhor compreensão deste componente apresenta-se como uma das bases para as futuras revoluções na agricultura e uso do solo. Um exemplo desta potencialidade está na atribuição da característica supressiva de solos a seus respectivos microbiomas (Weller *et al.*, 2002; Mendes *et al.*, 2011), sendo os microrganismos os agentes da inibição da ocorrência de doenças mesmo na presença dos patógenos (Van Elsas *et al.*, 2012). Apesar dos enormes avanços obtidos por meio da inovação tecnológica relacionada ao acesso da informação microbiológica, ainda não existe um método robusto o bastante para acessar de forma completa, o microbioma presente em um solo (Vogel *et al.*, 2009). Soma-se a esta grande diversidade do sistema solo a necessidade de metodologias que indiquem de forma sólida as alterações que ocorrem na escala temporal, o que ainda é bastante limitado devido ao custo de análise e cobertura amostral desejada.

Sabe-se que os solos apresentam uma estruturação das comunidades microbianas com determinada similaridade se analisados em um elevado nível

taxonômico (Tringe *et al.*, 2005; Janssen, 2006; Philippot *et al.*, 2013), ou seja, composta de um *core* microbiano encontrado na grande maioria dos solos. Este *core* é mais facilmente definido para a comunidade bacteriana do solo, composto principalmente pelos filos Acidobacteria, Actinobacteria, Proteobacteria, Verrucomicrobia, Bacteroidetes, Firmicutes e Planctomycetes (Janssen, 2006). Este *core* é relativamente estável dentro do conceito taxonômico da comunidade microbiana, mas pode ser distinto em relação às funções desempenhadas pelos organismos que os compõem. Isto se dá devido a alta taxa de transferência gênica em ambientes complexos, como descrito na revisão publicada por Dini-Andreote *et al.* (2012), onde os autores indicam que a organização genômica de bactérias é resultado da interação das mesmas com o ambiente. Assim sendo, organismos taxonomicamente similares, podem ter funções distintas, de acordo com o ambiente onde se encontra e desenvolve. Observa-se portanto, que o conceito de microbioma deve ser melhor aplicado aos solos, o que é proposto pela iniciativa chamada de *Terragenoma* (<http://www.terragenome.org/>)

(Vogel *et al.*, 2009), a qual tem como objetivos organizar as informações geradas sobre o microbioma dos solos, e realizar a completa descrição do material genético microbiano contido em um grama de solo. Com isto, espera-se estabelecer parâmetros e entender melhor as interações microbianas que regem este ecossistema.

Em relação aos solos brasileiros, este tipo de estudo se faz necessário, uma vez que é sobre tais solos e seus respectivos microbiomas que se sustentam biomas de grande biodiversidade, ou mesmo áreas de cultivo agrícola com elevada produtividade e importância econômica. Pode-se ainda extrapolar o conceito de microbioma, considerando-o não apenas como o conjunto de organismos presentes em uma área distinta, mas associados aos diferentes solos sobre os quais se desenvolvem a mesma cultura agrícola, ou apresentam a mesma paisagem, inserindo assim o conceito de biogeografia na definição de microbioma (Dolan, 2006; Fierer *et al.*, 2006; Martiny *et al.*, 2006).

No Brasil, uma iniciativa originou o grupo denominado *Brazilian Microbiome Project* (BMP) (<http://www.brmicrobiome.org/>), o qual visa descrever o microbioma

associado aos diversos ambientes brasileiros. Este grupo publicou seu primeiro trabalho, onde é apresentada uma revisão detalhada dos estudos desenvolvidos com esta finalidade nos mais diferentes ambientes brasileiros (Pylro *et al.*, 2014), dentre os quais destacam-se os solos, explorados em diferentes áreas do território nacional. Os membros componentes desta iniciativa estão atuando de forma colaborativa com uma iniciativa mundial chamada *Earth Microbiome* (<http://www.earthmicrobiome.org/>), a qual deve facilitar a inserção dos dados sobre os biomas brasileiros em um cenário mundial, onde estes poderão ser comparados a outros ambientes, dando base à comparação e elucidação da elevada biodiversidade brasileira, também no tocante às comunidades microbianas.

### **Diversidade microbiana em solos de biomas brasileiros**

A fração viva do solo é atualmente tida como essencial para a funcionalidade dos solos, sendo a esta atribuídos muitos processos que regem a manutenção e a funcionalidade dos solos. No entanto, o desempenho de funções

similares em solos distintos pode ser tanto realizado pelo mesmo grupo de organismos, ou por organismos distintos, o que leva a necessidade da compreensão da composição e do funcionamento metabólico do microbioma dos solos que sustentam os biomas brasileiros.

Considerando as áreas naturais, temos ainda pouco conhecimento sobre a microbiologia dos principais biomas brasileiros, principalmente devido à extensão do território nacional, o que gera a necessidade de grandes esforços amostrais, o que por vezes é limitado ao acesso restrito a áreas mais remotas.

Poucos estudos acessaram os microrganismos existentes na caatinga, sendo um deles desenvolvido por Gorch-Lira and Coutinho (2007), que estudaram a dinâmica populacional de bactérias presentes na rizosfera de *Aristida adscensionis* (Poaceae), onde foi observado uma prevalência de bactérias mesofílicas heterotróficas formadoras de esporos e actinobactérias neste ambiente, sugerindo o desenvolvimento de adaptações especiais às condições ambientais pelos microrganismos, da mesma forma que é observado para plantas e animais. Mais

(recentemente, Kavamura *et al.* (2013) relataram a predominância do efeito da rizosfera de plantas da caatinga, como o mandacaru, na época das chuvas, sugerindo que as alterações de determinados grupos microbianos se dá de acordo com variações no ciclo de vida das plantas que habitam essas regiões.

Dentro do bioma Amazônia, o tema em que se tem maior número de estudos científicos é o efeito do desmatamento sobre a diversidade e a estrutura das comunidades microbianas do solo e associadas às plantas. Neste sentido, um trabalho recente mostrou a homogeneização da microbiota em áreas de floresta convertidas para o uso como pastagem, indicando que a remoção da floresta diminui a beta diversidade deste bioma (Rodrigues *et al.*, 2013). Este efeito se dá possivelmente devido a desestruturação física natural do solo, o que resulta em uma maior exposição de nutrientes e conseqüentemente nichos a serem ocupados pela microbiota.

Em relação à Mata Atlântica, os estudos são escassos sobre a microbiologia do solo. Santos *et al.* (2014) demonstraram a alta variabilidade espacial na

composição da comunidade microbiana dentro de uma mesma área amostral. Neste ambiente, destaca-se a descrição das comunidades bacterianas da filosfera das plantas deste bioma, revelando a grande diversidade microbiana ainda não conhecida e que ocorre de maneira específica para cada espécie vegetal habitante deste sistema (Lambais *et al.*, 2006).

Dentro da Mata Atlântica, diversos ecossistemas podem ocorrer, dentre os quais estão os manguezais, cujas comunidades microbianas vêm sendo amplamente descritas em estudos que revelam sua taxonomia (Dias *et al.*, 2010; Dias *et al.*, 2011; Fasanella *et al.*, 2012; Santos *et al.*, 2011a) e funcionalidade (Gomes *et al.*, 2008; Andreote *et al.*, 2012; Dias *et al.*, 2012; Varon-Lopez *et al.*, 2014). Vários destes trabalhos indicam a ocorrência de grupos de genes e de organismos possivelmente endêmicos, o que

---

<sup>1</sup>Beta diversidade: diversidade entre locais distintos, revela a heterogeneidade espacial ou temporal na estrutura das comunidades.

pode ser resultado de uma combinação particular de fatores de seleção que ocorrem neste ambiente, o qual se caracteriza como um ecótono, e localiza-se como um ecossistema de ligação entre o ambiente terrestre e marinho.

Em relação aos biomas agrícolas, o principal foco de estudo é o efeito na mudança do uso do solo sobre as comunidades microbianas e as possibilidades de uso dos mesmos para a

obtenção de maior produtividade agrícola. Em relação a mudança do uso do solo, diversos estudos tem utilizados áreas de expansão agrícola como modelo (Kahindi *et al.*, 1997; Jesus *et al.*, 2009). Um dos exemplos deste tipo de estudo acessou a comunidade bacteriana em solos de áreas naturais do Pampa, e comparou esta comunidade com as encontradas no mesmo solo diferente tipo de uso (Lupatini *et al.*, 2013). Os autores verificaram que a mudança no uso da terra levou a alterações taxonômicas, mas não funcionais nos solos estudados. Rodrigues *et al.* (2013) revelaram a homogeneização que ocorre na microbiota dos solos quando seu uso é convertido de uma área nativa para a produção de pastagem. Mendes *et al.* (2014) revelaram o efeito determinístico da rizosfera de soja sobre a comunidade microbiana de um solo da Amazônia. Estes estudos sugerem que o cultivo das plantas acarreta na seleção de determinados grupos microbianos, o que explica a homogeneização dos solos, e a conseqüente redução da beta diversidade (características dos biomas naturais) em áreas de cultivo agrícola.

### **O acesso à diversidade microbiana – métodos independentes de cultivo**

A diversidade das formas de vida no solo é bastante vasta, sendo esta regida pela grande heterogeneidade deste ambiente. Apesar de o solo ter aparência homogênea, este ambiente é composto de uma grande diversidade de nichos, sendo cada um deles compostos por uma distinta combinação de

fatores ambientais, tornando este ambiente altamente heterogêneo do ponto de vista de organismos de tamanho reduzido. Somada a esta heterogeneidade espacial, ocorre a heterogeneidade temporal, como por exemplo flutuações na temperatura, que ocorrem em um solo de cerrado ao longo de um dia, ou em um solo do Pampa ao longo do ano. As flutuações na temperatura acarretam alterações na atmosfera do solo e aos valores de pH do mesmo, influenciando diretamente os grupos microbianos que compõem as comunidades microbianas dos solos (Fierer *et al.*, 2007). Com este cenário, gera-se a condição ambiental perfeita para que, em longo prazo, mantenha-se uma enorme diversidade de formas de vida nesses ambientes, sendo frações desta diversidade total beneficiados a cada milímetro e a cada minuto dentro do solo em que se encontram.

Uma vez que a diversidade é enorme, e a adaptação dos diferentes organismos se dá em condições distintas um dos outros, pode-se imaginar que apenas uma minoria pode ser facilmente cultivada em condições de laboratório (Staley and Konopka, 1985; Amann *et al.*, 1995). Se considerarmos uma placa de cultivo na qual as

condições nutricionais e físicas são constantes e homogêneas, podemos facilmente observar a contradição em representar as comunidades microbianas do solo por meio de colônias obtidas em meios de cultivo (Amann *et al.*, 1995). Estudos recentes, focados na descrição de grupos bacterianos presentes no solo, porém de difícil cultivo, tem revelado a estratégia evolutiva desses organismos, como a organização genômica compacta, o que leva a uma maior eficiência na multiplicação celular, porém ligada a uma grande dependência da interação com demais organismos para completar seu ciclo vital (Van Sluys *et al.*, 2002; Dini-Andreote *et al.*, 2012). Assim sendo, não apenas as condições de cultivo, mas nossa visão antrópica de obter os componentes das comunidades microbianas dos solos de forma isolada dificulta o uso de métodos dependentes de cultivo para a o estudo e entendimento de forma mais aprofundada dessas comunidades.

Neste sentido, a aplicação das técnicas chamadas de independentes de cultivo, baseadas na detecção e análise da diversidade de ácidos nucléicos (*i.e.* DNA ou RNA) em amostras ambientais, é fundamental nos estudos de

diversidade microbiana dos solos, permitindo uma análise mais fiel da estrutura das comunidades acessadas (Ranjard *et al.*, 2000; Andreote *et al.*, 2009). Dentro destas metodologias de análise, existem alguns sub-grupos, como as análises baseadas em um gene (baseadas na amplificação do gene alvo por PCR), ou análises que contemplam todos os genes de maneira conjunta (metagenômica e metatranscriptômica). Estas análises passam atualmente por um intenso processo de automatização, o que é possível devido a evolução nas metodologias e na redução no custo do sequenciamento de DNA (Box 1). Isto faz com que seja possível trabalhar com um maior número de amostras, e acessar uma enorme quantidade de indivíduos em cada uma delas, trazendo grande robustez às inferências realizadas.

Ecologicamente, essas análises são essenciais, pois permitem que dentro de comunidades compostas por um grande número de grupos taxonômicos, tenha-se a amostragem de um grande número de indivíduos, gerando assim a cobertura ecológica necessária para se inferir de forma concreta sobre a composição e a resposta dessas

comunidades frente a diferentes condições ambientais estudadas. O exemplo pioneiro neste tipo de análise em solos enumerou as diferenças encontradas na composição do microbioma de solos de diferentes países por meio da análise de uma grande número de sequências do gene 16S RNAr (Roesch *et al.*, 2007).

A maioria dos estudos baseados em um gene, se referem a taxonomia dos grupos microbianos, o que é comumente realizado com base em sequências dos *operons* ribossomais (gene 16S RNAr para bactérias e arqueias, e gene 18S RNAr ou regiões ITS para fungos) (Heuer *et al.*, 1997; Anderson *et al.*, 2003). A amplificação desses genes a partir de DNA ou cDNA (convertido a partir de RNA) obtidos de amostras de solo, dá suporte a análises posteriores, gerando informações sobre a estrutura das comunidades microbianas alvos de estudo (métodos de *fingerprinting*), a abundância (quantificação), ou a composição taxonômica dos organismos presentes nessas comunidades (métodos de sequenciamento) (Andreote *et al.*, 2009).

No entanto, para obter informações correlacionadas com os papéis desempenhados por

grupos microbianos nos solos, outros genes vêm sendo utilizados em estudos de microbiologia molecular, com destaque para os genes relacionados a etapas específicas dentro dos ciclos biogeoquímicos. Dentre estes, os genes mais utilizados são aqueles relacionados a ciclagem de nitrogênio (*nifH* – fixação biológica de nitrogênio; *amoA* – nitrificação; *nirK*, *nirS*, *nosZ* - desnitrificação), enxofre (*dsrB* – redução de sulfato; *aprA* – redução e oxidação do enxofre) ou carbono (*mcrA* – metanogênese, *pmoA* - metanotrofia) (Hanson and Hanson, 1996; Henckel *et al.*, 2000; Geets *et al.*, 2006; Henry *et al.*, 2006; Bernhard *et al.*, 2007). Outras funções podem também ser estudadas, sendo o único fator limitante, a fiel relação da presença de um gene com a observação do fenótipo desejado nos organismos que hospedam a sequência de DNA no ambiente.

Considerando as análises mais amplas, primeiramente devemos ponderar a metagenômica, a qual surge como uma grande alternativa para descrever a diversidade microbiana do solo, contemplando em uma mesma análise as informações taxonômicas e funcionais presentes na comunidade. Este

termo (metagenoma) foi cunhado em 1998 para representar os genomas da microbiota total encontrada em uma comunidade (Handelsman *et al.*, 1998). Esta estratégia oferece uma alternativa para a exploração do potencial metabólico de microrganismos que não são recuperados por métodos baseados em cultivo. O método consistiu-se inicialmente na clonagem de fragmentos grandes de DNA (40 a 100 kb), obtidos a partir de amostras ambientais, em vetores do tipo BAC (*Bacterial Artificial Chromosome*) ou cosmídeos, e a análise das bibliotecas resultantes em busca de uma nova expressão fenotípica na linhagem hospedeira de *Escherichia coli* (Handelsman *et al.*, 1998).

No entanto, com o desenvolvimento das tecnologias de sequenciamento massivo (Box1), alterações surgiram neste conceito, sendo hoje possível acessar amplamente a informação genética contida em amostras de solo excluindo-se a etapa de clonagem. Este tipo de análise é bastante interessante pela possibilidade de descrever de maneira representativa os genes funcionais e taxonômicos conjuntamente, colocando estes enfoques em uma mesma análise, o que permite a melhor

inferência sobre a relação entre a estrutura e a funcionalidade microbiana dos solos.

O primeiro trabalho que utilizou este tipo de metodologia conseguiu reconstruir genomas bacterianos por meio do sequenciamento do DNA diretamente extraído de amostras de uma mina ácida, onde poucos grupos microbianos compõem esse microbioma (Tyson *et al.*, 2004). Outro exemplo desta aplicação buscou descrever a diversidade filogenética e funcional da comunidade microbiana presente em amostras de gelo glacial (Simon *et al.*, 2009), onde os resultados demonstraram parte do metabolismo microbiano neste ambiente, com destaque para a presença de genes de adaptação à psicofilia.

Em solos, este tipo de análise vem sendo amplamente utilizada, com um dos primeiros trabalhos realizados para a comparação da microbiota, suas funcionalidades e potencial biotecnológico com base no sequenciamento do DNA diretamente retirado do solo (Fierer *et al.*, 2013). Mais recentemente, este tipo de análise vem sendo empregado na descrição de novas enzimas e na identificação da resposta da microbiota do solo a eventos de

contaminação (Sangwan *et al.*, 2012; Fierer *et al.*, 2013).

Em relação aos biomas brasileiros, o microbioma presente nos solos de manguezais foi descrito por este tipo de análise (Andreote *et al.*, 2012), onde se nomeou os principais organismos componentes desta comunidade, e se descreveu as principais transformações metabólicas envolvidas nos ciclos biogeoquímicos do nitrogênio, carbono e enxofre. Outros biomas brasileiros tem sido explorados com base neste tipo de análise, sendo estes sumarizados em um artigo recentemente publicado por Pylro *et al.* (2014).

Vale a pena comentar sobre as quantidades variadas de sequências de DNA obtidas em análises metagenômicas, as quais apresentam baixas ou nenhuma similaridade com aquelas presentes em bancos de dados. Isto demonstra o potencial desta análise em descrever novos genes, ou novos arranjos genômicos, distintos daqueles já conhecidos na literatura. Este grupo de sequências foi inicialmente tratado como algo de menor importância no início dos estudos metagenômicos, mas tem recentemente atraído bastante atenção, principalmente no intuito de desvendar a possível

função contida nessas sequências de DNA (Tobar-Tosse *et al.*, 2013).

Na mesma linha de análise, existe a possibilidade de se basear o sequenciamento na porção funcional do microbioma, utilizando moléculas de RNA como molde, em um tipo de estudo denominado de metatranscriptômica. Neste contexto, a metatranscriptômica aparece como uma metodologia poderosa para determinar padrões de expressão gênica de comunidades microbianas (Poretsky *et al.*, 2005). Em contraste com a metagenômica, que fornece uma análise sobre a estrutura genética da comunidade, a metatranscriptômica identifica quais destes genes estão sendo ativamente transcritos no ambiente avaliado (Gilbert *et al.*, 2008; Poretsky *et al.*, 2010).

Analisando amostras de comunidades microbianas marinhas, Gilbert *et al.* (2008) descreveram a alta eficiência desta metodologia, e destacaram a possibilidade de detectar genes pertencentes a muitas famílias nunca anteriormente descritas em análises baseadas em moléculas de DNA. Em solos, alguns estudos utilizaram esta metodologia para a descrição de genes eucarióticos expressos sob

idiversas condições, como em solos de floresta (Damon *et al.*, 2012), ou na determinação de genes relacionados a resistência a metais pesados (Lehembre *et al.*, 2013). O foco inicial em eucariotos se deu devido ao método de separação do RNAm do RNA total. Uma vez que a grande maioria do RNA obtido é de origem ribossomal, a separação mais eficiente é por purificação em colunas poliT, onde os RNAm que possuem cauda poliA ficam retidos. No entanto, estes representam apenas a fração eucariótica das comunidades. O acesso aos transcritos de bactérias e arqueias se dá por meio do sequenciamento do RNA total, ou por meio de separação do RNAm desses organismos com o uso de hibridização por sondas para remoção do RNAr, como descrito por He *et al.* (2010). Resta ainda a possibilidade de sequenciar todo o RNA extraído, usando assim as sequências de genes ribossomais para uma análise taxonômica dos grupos com metabolismo ativo na amostra, ao passo que as sequências de RNAm, mesmo que em menor número, são utilizadas para a análise das funções ativas na amostra. Isto foi feito em um dos primeiros trabalhos de metatranscriptômica em solos, onde se realizou uma

análise conjunta da taxonomia e funcionalidade do microbioma de solos de uma área de preservação na Alemanha (Urich *et al.*, 2008). Uma revisão recente enumera os estudos realizados com base nesta técnica, e comenta sobre as variáveis presentes nos estudos de metatranscriptômica de solo (Carvalhais *et al.*, 2012). Esta ferramenta tem grande potencial de uso na descrição da atividade microbiana encontrada em diferentes solos brasileiros, levando a descrição dos grupos ativos nos diferentes ambientes e sob distintas condições de conservação e uso do solo.

É importante destacar que não existe uma metodologia perfeita, a qual forneça todo tipo de informação sobre as comunidades microbianas do solo, mas existem metodologias adequadas para responder as diferentes questões que são geradas ao longo do desenvolvimento dos trabalhos focados no microbioma dos solos. Numa análise comparativa, é possível verificar a vantagem de metodologias baseadas em reação em cadeia da polimerase (PCR) devido ao melhor detalhamento que a mesma proporciona no acesso ao grupo alvo (maior cobertura de análise, por exemplo), enquanto que as

'ômicas' geram dados mais completos sobre taxonomia e funções microbianas, porém sob uma cobertura menor da comunidade (normalmente representando principalmente os grupos mais abundantes). Ainda cabem nesta comparação, o custo para a obtenção dos dados e a análises dos mesmos, que requerem habilidades específicas e na grande maioria das vezes recursos computacionais de grande capacidade de processamento e tempo de análise.

## **Perspectivas e Considerações Finais**

A exuberância da biodiversidade brasileira se sustenta sobre uma outra biodiversidade, que atua na ciclagem dos elementos químicos, e sustentam o desenvolvimento vegetal (e por conseguinte animal) nos diferentes biomas brasileiros. Conhecer os organismos responsáveis por estes processos é por si só um desafio, e fazer uso deste recurso natural onipresente soa ainda utópico num cenário de alta competitividade do cenário agrícola mundial.

Os resultados apresentados nesta linha de trabalho são de grande importância, onde são descritos os organismos componentes de seus respectivos

microbiomas, bem como a estruturação funcional dos mesmos, seja esta com base no estudo de genes relacionados a metabolismos específicos, ou em análises mais completas, como o sequenciamento de material genético obtido diretamente do solo. No entanto, pode-se considerar que estes resultados têm um caráter ainda bastante exploratório, tendo como principais objetivos a descrição de grupos microbianos presentes nos diferentes solos, ou a existência de padrões de colonização dos mesmos nas áreas exploradas. Uma visão mais tecnológica dos processos pode ser vislumbrada na comparação entre os componentes taxonômicos e funcionais que ocorrem em solos sob distintos estados de conservação, ou ainda sob diferentes condições de contaminação ambiental. Uma possibilidade neste sentido, talvez ainda utópica, seria a indicação de manejos agrícolas que favoreçam o incremento de grupos ou funções benéficas microbianas, relacionadas ao incremento no desenvolvimento vegetal.

No entanto, apesar de todos os avanços apresentados no estudo de comunidades microbianas, ainda podem ser

enumeradas limitações e desafios nesta área de pesquisa. Um destes pontos é a relação entre a taxonomia e a funcionalidade microbiana, o que ganha grande importância em ambientes como o solo, que apresentam comunidades microbianas com grande redundância funcional, ao mesmo tempo em que alguns de seus organismos são providos de grande plasticidade genômica. Talvez o que explique este tipo de processo, e componha o maior dos desafios no avanço dos estudos de ecologia microbiana, seja um fator intrínseco às características dos organismos componentes destas comunidades. Tanto a organização genômica, como a regência metabólica destes organismos são por vezes vistas pelos pesquisadores como similares àquelas encontradas em animais e plantas, mas possivelmente do ponto de vista evolutivo, estas sejam estruturas bastante distintas dos mesmos. De forma mais clara e direta, esta dificuldade se dá na compreensão da ocorrência e do comportamento de organismos quando em níveis mais detalhados de taxonomia, como gêneros e 'espécies', nem sempre são constantes como encontrados em outros grupos

de organismos. Sabe-se, por exemplo, que organismos alocados dentro de uma mesma espécie podem apresentar características metabólicas muito distintas, de acordo com o ambiente de onde foi obtido. Esta observação justifica o uso da palavra 'espécies' entre aspas ao longo deste documento, de forma a deixar clara a visão dos autores sobre este conceito aplicado a ecologia microbiana. Dessa forma, é de extrema importância considerar a '*fluidez genética*' que existe nos componentes de comunidades microbianas complexas, o que certamente levará os estudos de ecologia microbiana a outro patamar nos próximos anos.

Aplicando este conceito na biologia do solo, uma enorme possibilidade de estudos surge, sendo estes altamente desafiadores, porém igualmente promissores na geração de resultados inovadores sobre o conhecimento da estruturação de comunidades e genomas microbianos presentes no solo. No entanto, o desenvolvimento desta frente depende da capacidade de acessarmos de maneira eficiente a informação genética contida nas células microbianas. Neste ponto, mesmo com o avanço nas metodologias de sequenciamento, pode ser de extrema

importância retornarmos ao ponto de partida da revolução na ecologia microbiana, e utilizarmos novamente organismos cultivados como modelos para o estudo de evolução e estruturação genômica.

Assim sendo, este momento do desenvolvimento científico no estudo de comunidades microbianas ambientais, dentre as quais as presentes nos solos, é de extrema riqueza, onde as metodologias se apresentam em pleno desenvolvimento, gerando um cenário de *'tudo é possível'*, o que dá base a grande evolução no desenvolvimento científico, mas também engrandece a capacidade do pesquisador, sobrepujando a capacidade do mesmo de ser criativo e fazer aos seus conjuntos de dados os devidos questionamentos. Vale ainda um paralelo, onde tanto em situações de limitações tecnológicas, como na abundância das mesmas, a ciência dá seus maiores passos por meio de idéias inovadoras, e visões holísticas processuais, as quais são ainda, apenas passíveis de serem realizadas no cérebro humano.

### Agradecimentos

Andreote DF; Dias ACF, pelas contribuições aos trabalhos apresentados neste manuscrito. Cotta SR é bolsista PNPd da

CAPES e Dias ACF é bolsista FAPESP (nº. 2012/14534-4). Aos apoios financeiros de CNPq, CAPES e FAPESP.

### Referências Bibliográficas

- Abreu UGP, Lopes OS, Baptista AJMS, Torres RA, Santos HN (2006) Avaliação da introdução de tecnologias no sistema de produção de gado de corte no Pantanal. Análise de eficiência. Rev Bras Zoot. 35:1242–1250.
- Amann RI, Ludwig W, Schleifer KH (1995) Phylogenetic identification and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation. Microbiol Rev. 59:143–169.
- Anderson IC, Campbell CD, Prosser JI (2003) Diversity of fungi in organic soils under a moorland—Scots pine (*Pinus Sylvestris* L.) gradient. Environ Microbiol. 5:1121–1132.
- Andreote FD, Azevedo JL, Araújo WL (2009) Assessing the diversity of bacterial communities associated with plants. Braz J Microbiol 40:417–432.
- Andreote FD, Jimenez DJ, Chaves D, Dias ACF, Luvizotto DM *et al.* (2012) The microbiome of Brazilian mangrove sediments as revealed by metagenomics. PLoS One. 7:238600.
- Baldani JI, Caruso LV, Baldani VL, Goi SR, Dobereiner, J (1997) Recent advances in BNF with non-legume plants. Soil Biol Bioch. 29:911–922.
- Bartz MLC, Pasini A, Brown GG (2013) Earthworms as soil quality indicators in Brazilian no-tillage systems. App S Ecol. 69:39–48.
- Bernhard AE, Tucker J, Giblin AE, Stahl DA (2007) Functionally distinct communities of ammonia-oxidizing bacteria along an estuarine salinity gradient. Environ Microbiol. 9:1439–1447.
- Boon E, Meehan CJ, Whidden C, Wong DHJ, Langille MGI *et al.* (2014) Interactions in the microbiome: communities of organisms and communities of genes. FEMS Microbiol Rev. 38:90–118.
- Brady NC, Weil RR (2013) Elementos da Natureza e Propriedades dos Solos, 3ª Edição. Ed Artmed, p. 716.
- Buol SW, Hole FD, McCracken RJ (1997) Southard RJ. Soil genesis and classification. John Wiley & Sons. 4<sup>th</sup> Edition.
- Camara R, Correia MEF, Villela DM (2012) Effects of eucalyptus plantations on soil arthropod communities in a Brazilian Atlantic forest conservation unit. Bioscience Journal. 28:445–455.
- Carvalhais LC, Dennis PG, Tyson GW, Schenk PM (2012) Application of metatranscriptomics to soil environments. J Microbiol Meth. 91:246–251.
- Chagnon PL, Bradley RL, Maherali H, Klironomos JN (2013) A trait-based framework to understand life history of mycorrhizal fungi. T Plant Sci. 18:484–491.
- Damon C, Lehenbre F, Oger-desfeux C, Luis P, Ranger J *et al.* (2012) Metatranscriptomics Reveals the Diversity of Genes Expressed by Eukaryotes in Forest Soils. PLoS One. 7(1): e28967.
- Dias ACF, Andreote FD, Rigonato J, Fiore MF, Melo IS *et al.* (2012) The bacterial diversity in a Brazilian non-disturbed mangrove sediment. Ant Van Leeuw. 98:541–551.
- Dias ACF, Dini-andreote F, Taketani RG, Tsai SM, Azevedo JL *et al.* (2011) Archaeal communities in sediments of three contrasting mangroves. J Soils Sediment. 11:1466–1476.
- Dias ACF, Pereira e Silva MC, Cotta SR, Dini-andreote F, Soares JR FL *et al.* (2012) Abundance and genetic diversity of *nifH* gene sequences in anthropogenically affected Brazilian mangrove sediments. App Environ Microbiol. 78:7960–7967.
- Dini-andreote F, Andreote FD, Araújo WL, Trevors JT, Van elsas JD (2012) Bacterial Genomes: habitat specificity and uncharted organisms. Micr Ecol. 64:1–7.
- Dolan JR (2006) Microbial biogeography? J Biogeog. 33:199–200.
- Fasanella CC, Dias ACF, Rigonato J, Fiore, MF, Soares JR FL *et al.* (2012)

- The selection exerted by oil contamination on mangrove fungal communities. *Wat Air Soil Pollut.* 223: 4233–4243.
- Ferreira TO, Otero XL, Souza VS, Vidal-torrado P, Macías F *et al.* (2010) Spatial patterns of soil attributes and components in a mangrove system in Southeast Brazil (São Paulo). *J Soils Sediment.* 10:995–1006.
- Fierer N, Bradford MA, Jackson RB (2007) Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology.* 88:1354–1364.
- Fierer N, Jackson RB (2006) The diversity and biogeography of soil bacterial communities. *PNAS.* 103:626–631.
- Fierer N, Ladau J, Clemente JC, Leff JW, Owens SM *et al.* (2013) Reconstructing the microbial diversity and function of pre-agricultural tallgrass prairie soils in the United States. *Science.* 342: 621–624.
- Geets J, Borremans B, Diels L, Springael D, Vangronsveld J *et al.* (2006) *dsrB* gene-based DGGE for community and diversity surveys of sulfate-reducing bacteria. *J Microbiol Meth.* 66:194–205.
- Gilbert JA, Field D, Huang Y, Edwards R, Li W *et al.* (2008) Detection of large numbers of novel sequencer in the metatranscriptomes of complex marine microbial communities. *PLoS One.* 3:3042.
- Giller PS (1996) The diversity of soil communities, the 'poor man's tropical rainforest'. *Biodiv Conserv.* 5:135–168.
- Giulietti AM, Harley R, Queiroz LP, Rapini A (2006) To Sell the Science. *IN: Queiroz LP, Rapiini A, Giulietti AM (Ed.) Towards greater knowledge of the Brazilian Semi-arid Biodiversity.* Brasília: Min Ciênc Tecn. p. 11–15.
- Gomes NCM, Borges LR, Paranhos R, Pinto FN, Mendonça-hagler LCS *et al.* (2008) Exploring the diversity of bacterial communities in sediments of urban mangrove forests. *FEMS Microbiol Ecol.* 66:96–109.
- Gorlach-lira K, Coutinho HDM (2007) Population dynamics and extracellular enzymes activity of mesophilic and thermophilic bacteria isolated from semi-arid soil of northeastern Brazil. *Braz J Microbiol.* 38:135–141.
- Graham EB, Wieder WR, Leff JW, Weintraub SR, Townsend, A.R. *et al.* (2014) Do we need to understand microbial communities to predict ecosystem function? A comparison of statistical models of nitrogen cycle processes. *Soil Biol Bioch.* 68: 279–282.
- Handelsman J, Rondon MR, Brady SF, Clardy J, Goodman RM (1998) Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: a new frontier for natural products. *Chem Biol.* 5:245–249.
- Hanson RS, Hanson TE (1996) Methanotrophic bacteria. *Microbiol Rev.* 60:439–471.
- He S, Wurtzel O, Singh K, Froula JL, Yilmaz S *et al.* (2010) Validation of two ribosomal RNA removal methods for microbial metatranscriptomics. *Nat Meth.* 7:807–812.
- Henckel T, Roslev P, Conrad R (2000) Effects of O<sub>2</sub> and CH<sub>4</sub> on presence and activity of the indigenous methanotrophic community in rice field soil. *Environ Microbiol.* 2:666–679.
- Henry S, Bru D, Stres B, Hallet S, Philippot L (2006) Quantitative detection of the *nosZ* gene, encoding nitrous oxide reductase, and comparison of the abundances of 16S rRNA, *narG*, *nirK*, and *nosZ* genes in soils. *App Environ Microbiol.* 72:5181–5189.
- Heuer H, Krsek, M Baker P, Smalla K, Wellington EMH (1997) Analysis of actinomycete communities by specific amplification of genes encoding 16S rRNA and gel-electrophoretic separation in denaturing gradients. *App Environ Microbiol.* 63:3233–3241.
- Holguin G, Vazquez P, Bashan Y (2001) The role of sediment microorganisms in the productivity, conservation, and rehabilitation of mangrove ecosystems: an overview. *Bio Fert Soils.* 33:265–278.
- Holguin G, Zamorano PG, Bashan LED, Mendoza R, Amador E *et al.* (2006) Mangrove health in an arid environment encroached by urban development—a case study. *Sc T Environ.* 363: 260–274.
- Janssen PH (2006) Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes. *App Environ Microbiol.* 72:1719–1728.
- Jesus EC, Marsh TL, Tiedje JM, Moreira FMS (2009) Changes in land use alter the structure of bacterial communities in Western Amazon soils. *ISME J.* 3: 1004–1011, 2009.
- Junk WJ, Cunha CN, Wantzen KM, Petermann P, Strüssmann C *et al.* (2006) Biodiversity and its conservation in the Pantanal of Mato Grosso. *Braz Aq Sc.* 68:278–309.
- Kahindi JHP, Woomer P, George T, Moreira FMS, Karanja NK *et al.* (1997) Agricultural intensification, soil biodiversity and ecosystem function in the tropics: the role of nitrogen fixing bacteria. *App Soil Ecol.* 6:55–76.
- Kampf N, Curi N. (2000) Argilominerais em Solos Brasileiros. *In: Curi N, Marques J.J.G.S.M.; Guilherme LRG, Lima JM, Lopes AS, Alvarez VVH. Tópicos em Ciência do Solo III. Viçosa: Soc Bras Cienc Solo.* 1–54.
- Kavamura VN, Taketani RG, Lançoni MD, Andreote FD, Mendes R *et al.* (2013) Water regime influences bulk soil and rhizosphere of *Cereus jamacaru* bacterial communities in the Brazilian caatinga biome. *PLoS One.* 8: e73606.
- Ker JC (1997) Latossolos do Brasil: uma revisão. *Genomos* 5:17–40.
- Lambais MR, Crowley D, Cury JC, Bull JC, Rodrigues RR (2006) Bacterial diversity in tree canopies of the Atlantic forest. *Science.* 312:1917–1917.
- Lederberg J, McCray AT (2001) 'Ome Sweet 'Omics—a genealogical treasury of words. *Scientist.* 15:8.
- Lehembre F, Doillon D, David E, Perrotto S, Baude J *et al.* (2013) Soil metatranscriptomics for mining eukaryotic heavy metal resistance genes. *Environ Microbiol.* 15:2829–2840.
- Lepsch IF (2011) 19 Lições de Pedologia. *Oficina do texto,* 456p.
- Ley RE, Turnbaugh PJ, Klein S, Gordon JI (2006) Microbial ecology: human gut microbes associated with obesity.

- Nature. 444:1022–1023.
- Lupatini M, Suleiman AKA, Jacques RJS, Antonioli ZI, Kuramae EE *et al.* (2013) Soil-borne bacterial structure and diversity does not reflect community activity in Pampa biome. *PLoS One*. 8(10): e76465.
- Martiny JBH, Bohannan BJM, Brown JH, Colwell RK, Fuhrman J *et al.* (2006) Microbial biogeography: putting microorganisms on the map. *Nat Rev Microbiol*. 4:102–12.
- Mendes LW, Kuramae EE, Navarrete AA, Van veen JA, Tsai SM (2014) Taxonomical and functional microbial community selection in soybean rhizosphere. *ISME J*. 8:1577–1587.
- Mendes, R.; Kruijt, M.; De Bruijn, I.; Dekkers, E.; Van Der Voort, M. *et al.* Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria. *Science*. 332: 1097–1100, 2011.
- Michereff SJ, Barros R (2001) Proteção de plantas na agricultura sustentável. 2001, 368 p. Recife. UFRPE, Imprensa Universitária.
- Ministério do Meio Ambiente – MMA Brazilian biodiversity – Assessment and identification of areas and priority actions for conservation, sustainable use and benefit sharing of biodiversity across Brazilian biomes MMA/SBF, Brasília, 2002. Disponível em [http://www.mma.gov.br/estruturas/chm/\\_arquivos/Priority\\_Area\\_Bo ok.pdf](http://www.mma.gov.br/estruturas/chm/_arquivos/Priority_Area_Bo ok.pdf)
- Miransari M (2013) Soil microbes and the availability of soil nutrients. *Acta Phys Plant*. 35:3075–3084.
- Moreira FMS, Siqueira JO (2002) *Microbiol Bioquim Solo*. 1. ed. Lavras: Editora UFLA, 626p.
- Moreira M, Baretta D, Tsai SM, Costa SMG, Cardoso EJBN (2007) Biodiversity and distribution of arbuscular mycorrhizal fungi in araucaria forest. *Sci Agric*. 64:393–399.
- Nicholson JK, Holmes E, Kinross J, Burcelin R, Gibson G *et al.* (2012) Host-gut microbiota metabolic interactions. *Science*. 336:1262–1267.
- Novais RF, Alvarez V, Barros NF, Fontes RLF, Cantarutti RB, Neves JCL (2007) Fertilidade do Solo. Viçosa: Soc Bras Ciên Solo. 1017p.
- Ofek M, Voronov-Goldman M, Hadar Y, Minz D (2014) Host signature effect on plant root-associated microbiomes revealed through analyses of resident vs active communities. *Environ Microbiol*. 7:2157–2167.
- Otero XL, Ferreira TO, Huerta-Díaz MA, Partiti CSM, Souza V *et al.* (2009) Geochemistry of iron and manganese in soils and sediments of a mangrove system, Island of Pai Matos (Cananea — SP, Brazil). *Geoderma*. 148:318–335.
- Philippot L, Raaijmakers JM, Lemanceau P, Van Der Putten WH (2013) Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere. *Nat Rev Microbiol*. 11:789–799.
- Poretsky RS, Bano N, Buchan A, Lecler G, Kleikemper J *et al.* (2005) Analysis of microbial gene transcripts in environmental samples. *App Environ Microbiol*. 71:4121–4126.
- Poretsky RS, Sun S, Mou X, Moran MA (2010) Transporter genes expressed by coastal bacterioplankton in response to dissolved organic carbon. *Environ Microbiol*. 12:616–627.
- Pylro VS, Roesch LFW, Ortega JM, Amaral AM, Tótoia MR *et al.* (2014) Brazilian Microbiome Project: revealing the unexplored microbial diversity challenges and prospects. *Microb Ecol*. 67:237–241.
- Ranjard L, Poly F, Nazaret S (2000) Monitoring complex bacterial communities using culture-independent molecular techniques: application to soil environment. *Res Microbiol*. 151:167–177.
- Raymond J, Siefert JL, Staples CR, Blankenship RE (2004) The natural history of nitrogen fixation. *Mol Biol Evolut*. 21:541–554.
- Relman DA (2002) New technologies, human-microbe interactions, and the search for previously unrecognized pathogens. *J Infect Dis*. 186:S254–S258.
- Rodrigues JLM, Pellizari VH, Mueller R, Baek K, Jesus ED *et al.* (2013) Conversion of the Amazon rainforest to agriculture results in biotic homogenization of soil bacterial communities. *PNAS*. 110:988–993.
- Roesch LFW, Daroub SH, Fulthorpe RR, Triplett EW, Camargo FAO *et al.* (2007) Pyrosequencing enumerates and contrasts soil microbial diversity. *ISME J*. 1:283–290.
- Roesch LFW, Vieira FCB, Pereira VA, Schunemann AL, Teixeira IF *et al.* (2009) The Brazilian Pampa: A Fragile Biome. *Diversity*. 1:182–198.
- Sampaio E, Rodal MDJ (2000) Fitofisionomias da caatinga. In: Biodiversitas Avaliação e identificação de Ações prioritárias para a conservação, utilização sustentável e repartição de benefícios da biodiversidade do bioma Caatinga. Petrolina. Disponível em [HTTP://biodiversitas.org/caatinga/relatorios/fitofisionomias.pdf](http://biodiversitas.org/caatinga/relatorios/fitofisionomias.pdf).
- Sangwan N, Lata P, Dwivedi V, Singh A, Niharika N *et al.* (2012) Comparative metagenomic analysis of soil microbial communities across three hexachlorocyclohexane contamination levels. *PLoS One*. 7(9): e46219.
- Santos EC, Armas ED, Crowley D, Lambais MR (2014) Artificial neural network modeling of microbial community structures in the Atlantic Forest of Brazil. *Soil Biol Bioch*. 69:101–109.
- Santos HF, Cury J, Carmo FL, Santos AL, Tiedje J. *et al.* (2011) Mangrove bacterial diversity and the impact of oil contamination revealed by pyrosequencing: bacterial proxies for oil pollution. *Plos One*. 6: e16943.
- Silva JSV, Abdon MM (1998) Delimitação do pantanal brasileiro e suas sub-regiões. *Pesq agrop bras*. 33:1703–1711.
- Simon C, Wiezer A, Strittmatte AW, Daniel R (2009) Phylogenetic diversity and metabolic potential revealed in a glacier ice metagenome. *App Environ Microbiol*. 75:7519–7526.
- Souza DMG, Lobato E, Rein TA (2005) Uso de gesso agrícola nos solos de cerrado – Planaltina, DF: Embrapa Cerrados.
- Staley JT, Konopka A (1985) Measurement of *in situ* activities of non-photosynthetic microorganisms in aquatic and terrestrial habitats. *Ann Rev Microbiol*. 39:321–346.

- The Human Microbiome Project Consortium (2012) Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*. 486:207–214.
- Thomas WW, Carvalho AMV, Amorim AMA, Garrison J *et al.* (1998) Plant endemism in two forests in southern Bahia, Brazil. *Biodiv Conserv*. 7:311–322.
- Tobar-Tosse F, Rodríguez AC, Velez PE, Zambrano MM, Moreno PA (2013) Exploration of noncoding sequences in metagenomes. *PLoS One*. 8(3): e59488.
- Tringe, S.G.; Von Mering, C.; Kobayashi, A.; Salamov, A.A.; Chen, K. *et al.* Comparative metagenomics of microbial communities. *Science*. 308(5721):554–557, 2005.
- Turnbaugh PJ, Ley RE, Hamady M, Fraser-Liggett CM, Knight R *et al.* (2007) The human microbiome project. *Nature*. 449:804–810.
- Turnbaugh PJ, Ley RE, Mahowald MA, Magrini V, Mardis ER *et al.* (2006) An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest. *Nature*. 444:1027–1031.
- Tyson GW, Chapman J, Hugenholtz P, Allen EE, Ram RJ *et al.* (2004) Community structure and metabolism through reconstruction of microbial genomes from the environment. *Nature*. 428:37–43.
- Urich T, Lanzen A, QI J, Huson DH, Schleper C *et al.* (2008) Simultaneous assessment of soil microbial community structure and function through analysis of the meta-transcriptome. *PLoS One*. 3(6): e2527.
- Van Elsas JD, Chiurazzi M, Mallon CA, Elhottova D, Křišťufek V *et al.* (2012) Microbial diversity determines the invasion of soil by a bacterial pathogen. *PNAS*. 109:1159–1164.
- Van Sluys MA, Monteiro-Vitorello CB, Camargo LEA, Menck CFM, Raseira AC *et al.* (2002) Comparative genomic analysis of plant-associated bacteria. *Ann Rev Phytop.* 40:169–189.
- Varon-Lopez M, Dias ACF, Fasanella CC, Durrer A, Melo IS *et al.* (2014) Sulphur-oxidizing and sulphate-reducing communities in Brazilian mangrove sediments. *Environ Microbiol*. 16:845–855.
- Vidal-Torrado P, Lepsh I, Castro SS (2005) Conceitos e aplicações das relações pedologia-geomorfologia em regiões tropicais úmidas. *Top Ciênc Solo*. 4:145–192.
- Vogel TM, Simonet P, Jansson JK; Hirsch PR; Tiedje JM *et al.* (2009) TerraGenome: a consortium for the sequencing of a soil metagenome. *Nature*. 7:252.
- Weller DM, Raaijmakers JM, Gardener BBM, Thomashow LS (2002) Microbial populations responsible for specific soil suppressiveness to plant pathogens. *Ann Rev Phytopathol*. 40: 309–348.

# Curso de Aperfeiçoamento: Bioinformática para Microbiologistas

**Local das Aulas:** Sociedade Brasileira de Microbiologia  
Av. Caxingui, 655, Butantã - São Paulo  
CEP: 05579-001

**Informações:**  
Fone: (11) 3721-2898  
sbm@sbmicrobiologia.org.br  
www.sbmicrobiologia.org.br

## Atenção:

**A Sociedade Brasileira de Microbiologia se reserva o direito de não formar turma caso o número de inscritos aceitos não atinja o mínimo de 20 alunos.**

**Cada aluno deverá trazer seu próprio notebook com acesso a internet Wireless**

# Selo de Qualidade SBM

## Confiança na qualidade do produto

Em 2009 a Sociedade Brasileira de Microbiologia implantou o Selo de Qualidade SBM, com o objetivo de promover a certificação de produtos sanitariamente adequados quanto à presença de microrganismos. Em paralelo ao Selo, foi criado o Departamento de Avaliação de Produtos pela SBM, responsável pelas análises e pesquisas dos produtos, incluindo as embalagens e informações ao consumidor.

A certificação do produto começou a ser uma exigência do mercado e os fabricantes passaram a se preocupar mais em adequar sua produção e seus produtos dentro de parâmetros qualitativos e com preços competitivos. O programa de certificação da SBM visa certificar produtos quanto a sua qualidade microbiológica e/ou sua capacidade germicida.

O processo de certificação pela SBM segue um programa internacional, cujas diretrizes emanam da Organização Mundial de Saúde.

O primeiro produto a receber o Selo de Qualidade da SBM foi o Dettol® produzido pela empresa Reckitt-Benckiser nas formas de sabonete em barra, sabonete líquido e gel anti-séptico. Este selo foi concedido após avaliação de parecer técnico-específico emitido por especialistas indicados pela SBM.



### Como solicitar o Selo SBM

As empresas interessadas em encaminhar seus produtos para avaliação do programa de certificação da SBM devem:

- Enviar carta à Sociedade Brasileira de Microbiologia e solicitar que o produto, fabricado ou comercializado no Brasil seja analisado para receber o Selo de Qualidade SBM;
- Também é preciso enviar estudos já realizados sobre o produto, como análises, pesquisas e formulação, além de informações adicionais que houver;
- Caso a comissão de avaliação achar necessário, novos testes em laboratórios credenciados poderão ser solicitados.

### Vigência é de 24 meses

Depois do envio deste material, o SBM firma com a empresa solicitante um protocolo de pesquisa, informando os objetivos, procedimentos e tempo de estudo. A realização dos ensaios dura entre 30 a 90 dias e todas as análises realizadas, materiais e equipamentos utilizados obedecem a normas específicas para cada produto. Sendo o produto aprovado, deverá a Empresa assinar um Contrato que rege todos os pontos do relacionamento com a SBM, passando a efetuar um pagamento mensal pela utilização da marca. Este valor mensal também é definido conforme o resultado da análise do Questionário de Perfil da Empresa.

Para tornar possível mais essa atividade da SBM, foi realizado um convênio de parceria com empresa tradicional em proficiência, a Controllab.

Para obtenção de maiores esclarecimentos entre em contato com:

[sbm@sbmicrobiologia.org.br](mailto:sbm@sbmicrobiologia.org.br)

## 3º Prêmio Jovem Microbiologista 2015

**Prêmio Jovem Microbiologista 2015:**  
**Uma oportunidade ímpar de se destacar e deixar sua**  
**marca no meio científico.**

A Sociedade Brasileira de Microbiologia (SBM) e a Divisão de Microbiologia Thermo Fisher Scientific convidam os microbiologistas, com título de doutor obtido nos últimos três anos anteriores à data de início do 28º Congresso Brasileiro de Microbiologia, a participarem do Prêmio Jovem Microbiologista 2015, uma oportunidade ímpar de se destacar e deixar sua marca no meio científico. Visando a maior integração entre os países latino-americanos, a SBM abre as inscrições para jovens microbiologistas dos países membros da ALAM (Associação Latino Americana de Microbiologia). O prêmio de R\$ 1.500,00 para o primeiro colocado será entregue durante a sessão de encerramento do 27º Congresso Brasileiro de Microbiologia. Além do prêmio em dinheiro, e após manifestação por escrito dos autores, os 5 trabalhos selecionados pela Comissão Científica serão encaminhados para avaliação e, após aprovação pelo Editor Associado da área, serão publicados no periódico *Brazilian Journal of Microbiology*. Os demais classificados receberão um certificado de participação.

### 1 – INSCRIÇÕES

A inscrição ao Prêmio Jovem Microbiologista 2015 é isenta de taxa e pode ser realizada até 13/07/2015. Poderão inscrever-se recém-doutores que tenham defendido a tese nos últimos três anos anteriores à data

de início do 27º Congresso Brasileiro de Microbiologia. O candidato deverá estar inscrito no 28º Congresso Brasileiro de Microbiologia e deverá submeter apenas um trabalho. O comprovante de inscrição no 28º CBM deverá ser enviado para a Secretaria da SBM ao endereço Av. Caxingui, 655, Vila Pirajussara, CEP 05579-001, São Paulo, SP, juntamente com o trabalho, Currículo Lattes e documento da comissão de pós-graduação da instituição, declarando a data da defesa da tese e o título recebido. A documentação submetida não será devolvida.

### 2 – TRABALHO

O trabalho, de responsabilidade do recém-doutor, deverá ser inédito, encaminhado na forma de paper, tendo como modelo o periódico *Brazilian Journal of Microbiology*, em três vias, acompanhado do respectivo arquivo gravado em CD-Rom. O texto deverá ser redigido em inglês e ter, no máximo, 10 páginas (incluindo tabelas e figuras) formatadas em fonte Arial, tamanho 12, espaçamento de 1,5 entrelinhas, formato A4, margens 2 cm (esquerda, direita, superior e inferior) em editor de texto Microsoft Word. As citações bibliográficas deverão ser apresentadas de acordo com as normas da revista *Brazilian Journal of Microbiology*. Os trabalhos que não estiverem de acordo com essas especificações serão automaticamente descon-

siderados sem qualquer comunicado ao participante.

### 3 – APRESENTAÇÃO E SELEÇÃO

A Comissão Científica, designada pela Diretoria da SBM, selecionará cinco trabalhos. Os trabalhos selecionados deverão ficar expostos, na forma de painéis, durante o 26º Congresso Brasileiro de Microbiologia, em local a ser designado pela Comissão Organizadora. Os autores serão convidados para apresentação pública desses trabalhos, em sessão do 28º Congresso Brasileiro de Microbiologia. O tempo de apresentação oral será de 20 minutos, perante Comissão Julgadora, composta por três membros, indicada pela Diretoria da SBM. Não serão aceitos recursos quanto ao mérito das decisões das comissões de seleção e julgadora.

### 4 – PRESCRIÇÃO DO DIREITO AO PRÊMIO

Caso o prêmio não seja solicitado no prazo de 1 ano contado a partir da data da premiação que acontecerá durante o 28º Congresso Brasileiro de Microbiologia o mesmo perderá o direito de recebê-lo. A comissão avaliadora terá poderes para decidir as situações em que nenhum trabalho merece receber o prêmio.

# MICROBIOLOGIA *in foco*

## SBM in foco - A forma direta de falar com os microbiologistas.



Apresentamos o plano de comercialização para 1 ou 4 edições da Revista Microbiologia in Foco.

Periódico da Sociedade Brasileira de Microbiologia, com tiragem de 2000 exemplares e distribuição gratuita. Revista de informação e divulgação sobre temas em bacteriologia, micologia e virologia nas várias áreas de abrangência da Microbiologia: ambiental, agrícola, básica, de alimentos, industrial, médica humana e veterinária e oral.

A revista ainda conta com espaços para divulgação de consensos, agenda científica, atualidades e oportunidades de trabalho.

Venha fazer parte deste veículo de informação atualizada!

Atenciosamente,

Marina Baquerizo Martinez e Carlos P. Taborda - Editores Sociedade Brasileira de Microbiologia



### VALORES:

Capa Final Interna	1 edição R\$ 2.000,00	4 edições – R\$ 4.000,00 cada
Capa Final Externa	1 edição R\$ 2.500,00	4 edições – R\$ 5.200,00 cada
½ página (par)	1 edição R\$ 1.000,00	4 edições – R\$ 1.600,00 cada
Página Inteira (par)	1 edição R\$ 1.850,00	4 edições – R\$ 3.600,00 cada
½ página (ímpar)	1 edição R\$ 1.350,00	4 edições – R\$ 2.400,00 cada
Página Inteira (ímpar)	1 edição R\$ 2.150,00	4 edições – R\$ 4.400,00 cada

FORMA DE PAGAMENTO: 15 dias após a edição da Revista, através de boleto bancário com recibo oficial.

PÁGINA INTEIRA  
21,0 X 28,0 cm

1/2 INTEIRA  
18,0 X 12,0 cm

## "Clinical Impact of Rapid Microbiology Results"

Durante o 28º congresso Brasileiro de Microbiologia (CBM) a ser realizado na cidade de Florianópolis, Santa Catarina, no período de 18 a 22 de outubro de 2015, será concedido um prêmio no valor de US\$ 5.000,00 ao jovem pesquisador autor do melhor trabalho cujo tema seja: Clinical Impact of Rapid Microbiology Results. O prêmio será integralmente patrocinado pelo Instituto Mérieux.

### 1. Elegibilidade

2. O autor deverá estar inscrito no 28 CBM;

1.1. Poderão ser inscritos qualquer trabalho original ou qualquer trabalho submetido em forma de artigo ou publicado no ano de 2015 em periódico indexado no Pub Med (o projeto deve ser brasileiro);

1.2. Entende-se por jovem pesquisador qualquer profissional atuando em Microbiologia Clínica nas sub-áreas de diagnóstico clínico ou pesquisa e que tenha idade inferior a 35 anos;

1.3. Para trabalhos ainda não submetidos a periódicos o autor deverá enviar o texto completo, redigido em Inglês, estruturado no formato de artigo científico segundo as normas do Brazilian Journal of Microbiology; no caso de artigos já publicados ou já submetidos, deverá ser enviado o arquivo em .pdf. A data limite para inscrição dos trabalhos para concorrer ao prêmio é 30-08-2015. Os manuscritos deverão ser enviados para [sbm@sbmicrobiologia.org.br](mailto:sbm@sbmicrobiologia.org.br).

1.4. O trabalho deverá demonstrar claramente o impacto clínico de testes rápidos em Microbiologia, seja redução na mortalidade, redução no tempo de permanência em unidades de tratamento intensivo, redução do tempo de internação, redução da densidade de uso ou do tempo de uso de antimicrobianos ou redução em taxas de infecções relacionadas aos cuidados com a saúde ou ter resultados preliminares com grande potencial para isso.

1.5. Até três trabalhos serão selecionados para apresentação oral. O autor principal deverá realizar apresentação de 15 a 20 min do trabalho durante o 28 CBM. Apresentações que excederem o tempo de 20 min serão desclassificadas. Após a apresentação do trabalho, poderá haver perguntas pela audiência e pela comissão avaliadora por 10 min.

### 2. Avaliação dos trabalhos

A comissão avaliadora será composta por dois pesquisadores indicados pela SBM e um indicado pelo Instituto Mérieux. Os três melhores trabalhos serão apresentados oralmente. Os trabalhos receberão uma pontuação da comissão avaliadora que terá valor máximo de 7,0 e a apresentação oral pública terá valor máximo de 3,0. Será considerado vencedor o trabalho com maior pontuação.

### 3. Premiação

A premiação acontecerá durante o XVIII Congresso Brasileiro de Microbiologia em horário a ser anunciado quando da publicação da programação final do evento.

### 4. Questões omissas

Dúvidas ou esclarecimentos eventualmente surgidos na aplicação deste Regulamento serão dirimidos pela Comissão Avaliadora constituída.

Os sócios da SBM têm direito a descontos especiais nos eventos promovidos ou patrocinados pela SBM. Para usufruir do desconto de associado em nossas atividades é imprescindível estar anuente a dois anos consecutivos com a sociedade. Além disso, têm acesso livre à revista científica *Brazilian Journal of Microbiology* (BJM) e que se destina à publicação de trabalhos de pesquisa originais, notas breves e revisões, envolvendo todos os aspectos da Microbiologia. É considerada uma das revistas científicas mais importantes do nosso país. O BJM tem uma política muito severa de avaliação dos trabalhos submetidos à publicação, sendo cada manuscrito avaliado por pelo menos dois revisores criteriosamente selecionados.

A revista *Microbiologia in Foco* tem o objetivo de promover o intercâmbio de informações científicas entre os associados, publicando os autores nacionais de expressão. Adota o mesmo critério de avaliação e excelência que a SBM sempre adotou. Enviaremos o último número da *Microbiologia in Foco* a todos os novos associados, após sua efetiva associação.

## Fique sócio da SBM

Veja informações no site: [www.sbmicrobiologia.org.br](http://www.sbmicrobiologia.org.br)

Lembre-se: um sócio da SBM integra a maior e mais representativa associação da comunidade científica que atua na microbiologia nacional.

## Valores para associação

Categoria de Sócio .....	Anuidade 2015
Aluno de Graduação .....	R\$ 60,00
Aluno de Pós-Graduação (Mestrado e Doutorado) .	R\$ 110,00
Aluno de Pós-Doutorado .....	R\$ 170,00
Profissional .....	R\$ 200,00
Assinatura Jurídica .....	R\$ 360,00

A revista do Microbiologista.

**Microbiologia**  
*in foco* ○○○○○○○○○○

A revista do Microbiologista.

**Microbiologia**

*in foco*

