



POTENCIAL GÊNICO DA BACTÉRIA *Teredinibacter turnerae* MEDIANTE A SUA REPOSTA MOLECULAR PARA DEGRADAÇÃO DE CELULOSE COMO FOMENTO PARA BIOPROCESSOS

GENETIC POTENTIAL OF THE BACTERIUM *Teredinibacter turnerae* THROUGH ITS MOLECULAR RESPONSE TO CELLULOSE DEGRADATION TO PROMOTE BIOPROCESSES

POTENCIAL GENÉTICO DE LA BACTERIA *Teredinibacter turnerae* A TRAVÉS DE SU RESPUESTA MOLECULAR A LA DEGRADACIÓN DE LA CELULOSA PARA PROMOVER BIOPROCESOS

Fernando Gil Mesquita de Freitas Gonçalves^{1*} ; Francisco Alexandre Castro Santos² ; Bruno Viana de Souza³ ; João Carlos da Costa Assunção⁴ 

¹Mestrando no Programa de Pós-Graduação em Energias Renováveis (PPGER) pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará - Campus Maracanaú (IFCE campus Maracanaú). Maracanaú, Ceará, Brasil. ²Graduando em Licenciatura em Química pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará - Campus Maracanaú (IFCE campus Maracanaú). Maracanaú, Ceará, Brasil. ³Graduado em Licenciatura em Química pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará - Campus Maracanaú (IFCE campus Maracanaú). Maracanaú, Ceará, Brasil; ⁴Doutor em Química Orgânica pela Universidade Federal do Ceará (UFC). Professor efetivo do Instituto Federal do Ceará - Campus Maracanaú (IFCE campus Maracanaú).

*Autor correspondente: fernandogilmesquita@gmail.com

Recebido: 21/09/2024 | Aprovado: 27/11/2024 | Publicado: 30/11/2024

Resumo: Os atuais desafios biotecnológicos estão relacionados com a busca de novos produtos ou processos que aprimorem ou sanem problemas existentes nas indústrias alimentícias, energéticas e farmacológicas. Uma dessas problemáticas envolve a produção de biocombustíveis de 2º geração, que apesar de promissoras, apresentam algumas limitações. Os moluscos da família *Teredinidae*, conhecidos como vermes perfuradores de madeira, estão presentes nas regiões marítimas e nas regiões de mangue e contam com o auxílio de sua complexa microbiota associada a qual realizam a degradação de polissacarídeos complexos e lenhosos. A *Teredinibacter turnerae* é uma das principais bactérias responsáveis por essa atividade metabólica e estão alojadas na região das brânquias do molusco. Com base nas informações levantadas em artigos, dissertações e teses, foi conduzido uma investigação bibliográfica a fim de investigar o potencial para o aprimoramento do atual processo que permite o reaproveitamento dos resíduos do setor sucroalcooleiro, assim revolucionando o processo brasileiro de obtenção de energia. Denotou-se, portanto, o grande potencial gnômico da *T. turnerae* em processos que necessitam da quebra da celulose. Entretanto, observou-se também a participação de outros protagonistas que favorecem ou potencializam esta resposta metabólica secundária.

Palavras-chave: Bioprospecção. Lignocelulósica. Microbiota. *Teredinidae*.

Abstract: Current biotechnological challenges are related to the search for new products or processes that improve or solve existing problems in the food, energy and pharmacological industries. One of these problems involves the production of 2nd generation biofuels, which, despite being promising, have some limitations. Molluscs from the *Teredinidae* family, known as wood-boring worms, are present in maritime regions and mangrove regions and rely on the help of their complex associated microbiota, which carry out the degradation of complex and woody polysaccharides. *Teredinibacter turnerae* is one of the main bacteria responsible for this metabolic activity and is housed in the gill region of the mollusk. Based on information collected in articles, dissertations and theses, a bibliographical investigation was conducted in order to investigate the potential for improving the current process that allows the reuse of waste from the sugar and alcohol sector, thus revolutionizing the Brazilian process of obtaining energy. Therefore, the great genomic potential of *T. turnerae* in processes that require the breakdown of cellulose was noted. However, the participation of other protagonists that favor or enhance this secondary metabolic response was also observed.

Keywords: Bioprospecting. Lignocellulosic. Microbiota. *Teredinidae*.

Resumen: Los desafíos biotecnológicos actuales están relacionados con la búsqueda de nuevos productos o procesos que

mejoren o resuelvan problemas existentes en las industrias alimentaria, energética y farmacológica. Uno de estos problemas tiene que ver con la producción de biocombustibles de segunda generación, que a pesar de ser prometedora, tiene algunas limitaciones. Los moluscos de la familia Teredinidae, conocidos como gusanos barrenadores de la madera, presentes en las regiones marítimas y de manglares, cuentan con la ayuda de su compleja microbiota asociada, que lleva a cabo la degradación de polisacáridos complejos y leñosos. *Teredinibacter turnerae* es una de las principales bacterias responsables de esta actividad metabólica, ampliamente extendida en la región branquial del molusco. A partir de las informaciones recogidas en artículos, disertaciones y tesis, se realizó una investigación bibliográfica con el objetivo de comprender el gran potencial de mejora del proceso actual que permite la reutilización de residuos del sector sucroalcoholero, revolucionando así el proceso energético brasileño. Por lo tanto, se notó el gran potencial genómico de *T. turnerae* para procesos que requieren la degradación de la celulosa, sin embargo, también se observó la participación de otros protagonistas que favorecen o potencian esta respuesta metabólica secundaria.

Palabras-clave: Bioprospección. Lignocelulósico. Microbiota. Teredinidae.

1 INTRODUÇÃO

A biotecnologia nos últimos anos vem avançando de forma escalonaria, respondendo aos estímulos dos avanços nas pesquisas científicas e, portanto, da produção tecnológica. Esta progressão só é possível graças à grande diversidade biológica existente nos diferentes ecossistemas do planeta, sendo assim uma grande fonte de recursos genéticos. Esta tecnologia tende a suprir as principais necessidades da humanidade, concentrando suas atenções para solucionar problemas referentes a produção de alimentos, fármacos e processos energéticos (Trindade-Silva, *et al.*, 2009; Brito, 2018; Zhou, Huang & Zhu, 2019).

As técnicas biotecnológicas - em especial a genômica e a bioprospeção - revolucionaram as formas de investigação científica, como análise no nível de expressão gênica e novos modelos para bioprocessos de produtos naturais, além de serem formas de valorização das diversidades. As plantas e microrganismos cultiváveis são as principais fontes de moléculas biologicamente ativas e terapeuticamente úteis, embora as triagens contínuas destas fontes frequentemente levem a altos índices de novos isolamentos de substâncias já caracterizadas (Trindade-Silva, *et al.*, 2009; Brito, 2018).

Diante dos avanços destas técnicas na produção de fármacos, cultivares agrícolas mais resistentes e para produção de energia, têm-se buscado nos ecossistemas e na ecologia microbiana organismos com características que incitem expressões gênicas relacionadas a estas demandas como: substâncias imunes estimuladoras, características de resistência a salinidade e pH, degradação de substâncias poluidoras e degradação de polissacarídeos complexos, como fonte de biocombustíveis, ou hidrocarbonetos aromáticos policíclicos, que provocam danos ambientais (Zhou, Huang & Zhu, 2019; Bussamra, 2014).

Mediante a alta demanda energética e os problemas referentes as mudanças climáticas globais, causados pelo alto consumo e dependência combustíveis fósseis, busca-se processos e produtos que possam substituir essas fontes energéticas por alternativas mais sustentáveis (Balan *et al.*, 2009; Bussamra, 2014).

O etanol se configura hoje como o principal biocombustível advindo da biomassa, que é resultado do processo fermentativo de açúcares (glicose e frutose) principalmente das cultivares de cana-de-açúcar, beterraba e milho, podendo ser dividido em três gerações: a primeira geração vem diretamente do processo fermentativo do melão ou amido (em sua maioria da cana-de-açúcar), no setor agrícola; os de segunda geração, são o produto do reaproveitamento de resíduos de cultivos ou de processamento que, com a atuação de enzimas com potencial lignocelulósico ou por vias químicas e bioquímicas, se podem extrair o etanol, não sendo dependente

de áreas cultivadas; os de terceira geração são os extraídos de algas e microalgas através da conversão do amido e da celulose; os de quarta geração é resultado da manipulação genética de plantas com a finalidade de desenvolver outras variedades com propriedades mais apropriadas para a conversão em bioprodutos (Himmel, 2007; Rubin, 2008; Balan *et al.*, 2009, Ogeda & Petri 2010).

O material lignocelulósico são estruturas rígidas e fibrosas de composição básica de hemicelulose e celulose infiltradas por lignina (álcoois aromáticos) ligadas por pontes de hidrogênio e covalentes. Assim o bagaço da cana-de-açúcar, que representa a biomassa de maior interesse energético, tem uma composição complexa de estruturas fibrosas celulósicas, que podem ser encontradas em diferentes camadas da parede celular vegetal, representando em porcentagem de massa em sua distribuição e importância no desenvolvimento e crescimento vegetativo. A lignina, celulose e hemicelulose representam a maior quantidade da matéria seca da biomassa da cana-de-açúcar (Ogeda & Petri 2010).

Em análise percentual das frações do material lignocelulósico tem forte influência na quantidade de biomassa utilizada para os processos de produção de biocombustíveis (hidrólise e fermentação). Nesse tocante o uso do bagaço de cana-de-açúcar mostra os maiores percentuais de material fibroso rico em celulose, hemicelulose e lignina respectivamente 40,2%, 26,4% e 25,2%. A celulose apresenta uma configuração química bastante rígida, caracterizada por uma cadeia de polímeros, basicamente representada $(C_6H_{10}O_5)_n$. Suas propriedades mais destacadas referem-se a sua classificação, com a reatividade do substrato, e seu grau de polimerização (Ogeda & Petri, 2010).

Assim Ogeda & Petri (2010, p. 1549) elucida que:

A celulose é um polímero linear com ligações glicosídicas β -1,4 entre unidades D-glicopiranosose. Tipicamente, cadeias de celulose em parede celular primária de plantas têm graus de polimerização (DP) na faixa de 5.000 a 7.500; o DP de celulose de madeira é em torno 10.000, e a de celulose de algodão 15.000.27 Å temperatura ambiente, os anéis relativamente rígidos de glicose são todos encontrados em sua energia mais baixa, C4 mantido em conformação cadeira, não fazendo transições para outra conformação cadeira ou para várias possíveis formas barco-deformado. Com os anéis nesta conformação, todos os grupos hidroxilas ligados por ligações de hidrogênio e os substituintes hidroximetilas dos anéis de piranosose são equatoriais, direcionados à periferia do anel, enquanto que os prótons hidrofóbicos alifáticos estão em posições axiais, apontando tanto para cima quanto para baixo, em relação ao plano médio dos anéis.

Estes critérios são variáveis, pois, representam um quantitativo referente ao tamanho da cadeia, já que os polímeros se classificam como cadeias longas, a proporção é feita a partir do critério, quanto maior for o grau de polimerização, menor será sua subtilidade. Este fato, dar-se pelas relações intermoleculares presentes na celulose, nesse caso seriam as ligações de hidrogênio (Ogeda & Petri 2010; Bussamra, 2014).

É de grande interesse a capacidade de decomposição de materiais vegetais lenhosos, considerando sua extraordinária abundância na natureza e seu papel como importantes depósitos de carbono e energia. As paredes celulares das plantas são formadas majoritariamente por celulose, um polímero linear de glicose, hemicelulose, composto por xilose e ligninas, que são polímeros variados de resíduos aromáticos. Além disso, a pectina, que contém ácido galacturônico, também desempenha um papel fundamental nessas estruturas celulares. A resistência à degradação enzimática dos materiais vegetais lenhosos é devido à baixa solubilidade desses compostos e à formação de estruturas cristalinas complexas, o que dificulta a ação dos processos enzimáticos

(Yang *et al.*, 2009; Ogeda & Petri 2010).

Dentro dessa contextualização, os biocombustíveis de 2^o geração ou etanol 2G, se destacam por reaproveitar resíduos agroindustriais, da produção sucroalcooleira, para obtenção de bioetanol. Este processo é realizado a partir de hidrólise ácida e/ou enzimática para realizar a quebra do material lignocelulósico, assim possibilitando a obtenção do biocombustível por destilação fracionada (Balan *et al.*, 2009; Brito *et al.*, 2024).

Apesar de promisso, este processo apresenta em seu estado atual, dificuldades na realização da hidrólise ácida, pois o material acidificado, precisa passar por uma “lavagem” para que possa ser fermentado, além do próprio custo da enzima lignocelulósica (Rubin, 2008; Yang *et al.*, 2009; Brito *et al.*, 2024).

Os moluscos marinhos bivalves, da família Teredinidae, tem atraído interesse científico, pois este verme marinho perfurar madeiras, denotando grande potencial lignocelulósico, assim tornando-se fonte de diversas investigações a respeito dos mecanismos metabólicos relacionados a sua interação mutualística com sua microbiota, presente principalmente nas glândulas, intestino e brânquias, caracterizando uma complexa interação animal hospedeiro. (Trindade-Silva, *et al.*, 2009; Yang *et al.*, 2009; Naka & Haygood, 2023).

Mediante a esta premissa básica, este presente trabalho destaca a importância da bioprospecção de novos processos e produtos, relacionados a relações específicas existentes no verme marinho e sua microbiota, levantando a hipótese de que essa habilidade possa ser explorada em processos de produção energética, em específico, para processos de produção de etanol de 2^o geração ou etanol 2G.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O presente artigo apresenta uma revisão com base no levantamento de dados acerca dos aspectos do clado Teredinibacter, afim de estabelecer algum grau de confiabilidade para a exploração dessa metodologia como uma tecnologia viável e promissora para os processos produtivos de etanol com base no material lignocelulósico como é o caso do bagaço de cana-de-açúcar, biomassa principal para a produção de etanol 2G. As plataformas utilizadas para a busca textual foram Science Direct e Portal de Periódicos CAPES, a pesquisa contemplou trabalhos nacionais e internacionais e o intervalo de anos para a busca seguiu o seguinte padrão: para a revisão de conceitos base não se delimitou um intervalo de tempo e para as temáticas envolvendo a *Teredinibacter turnerae* intervalo foi restrito aos anos 2009 a julho 2024, sendo selecionados os trabalhos de Trindade-Silva *et al.*, (2009), Yang *et al.*, (2009), Fowler *et al.*, (2019), Zhou, Huang & Zhu (2019) e Naka & Haygood, (2023).

A fim de proporcionar uma padronização nas pesquisas e resultados obtidos, o levantamento dos conteúdos nas plataformas foi conduzido a partir das palavras-chave em inglês: *cellulose*, *genomics*; *Teredinibacter turnerae*. As informações pertinentes ao tema foram analisadas e os resultados da pesquisa estão demonstradas no formato de discussão entre os autores selecionados.

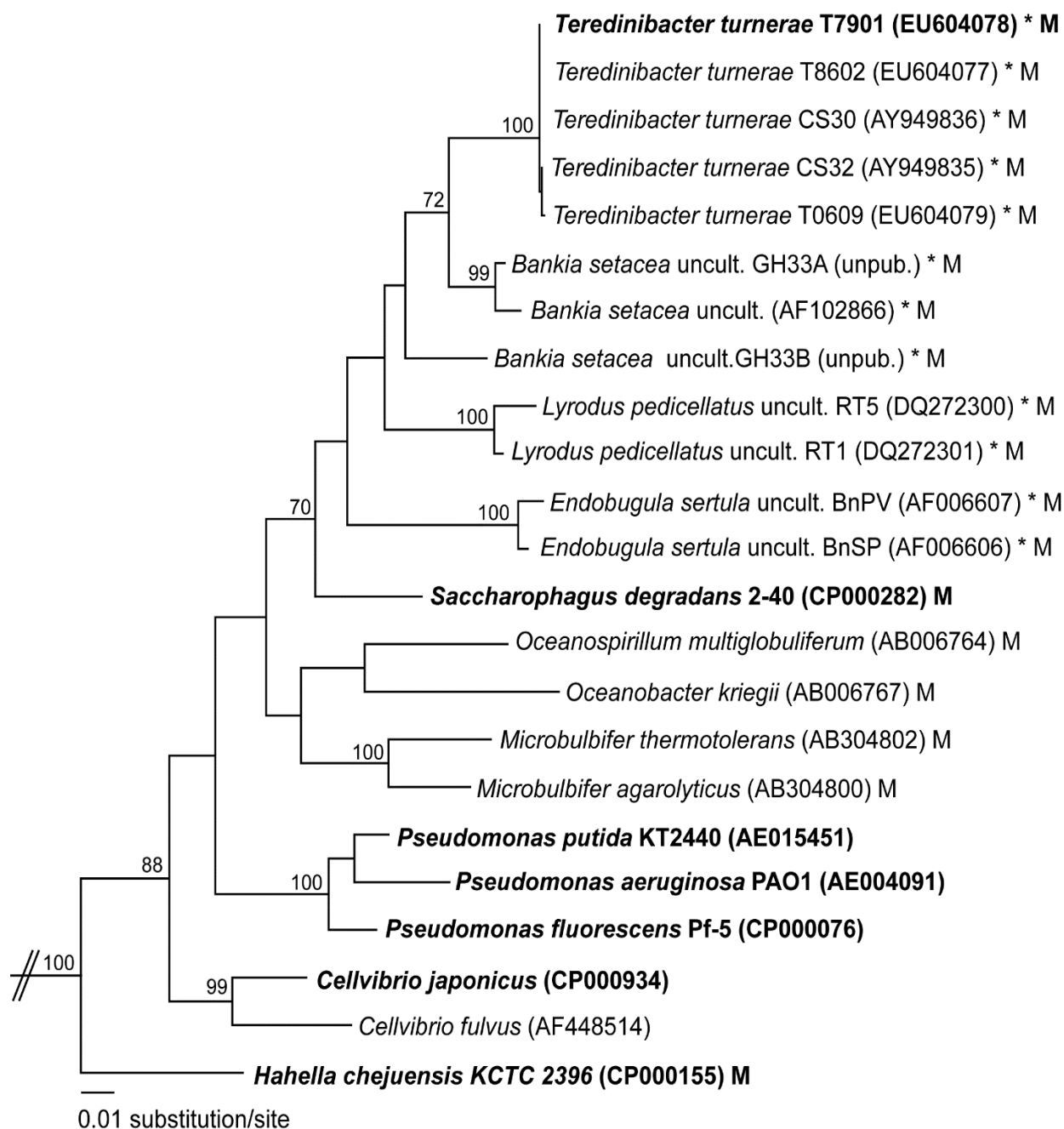
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas investigações do genoma do *Teredinibacter turnerae* pode-se encontrar uma grande variedade de adaptações evolutivas, mediante a sua relação endossimbiótica intracelular. Em termos gerais, um conjunto de

características de modificação genômicas de interesse, se refere a um genoma reduzido, distorção %G+C, altas taxas de mutação genômica e perde de genes no metabolismo central. Entretanto essas características não estão presentes no *T. turnerae*, que tem o seu maior destaque por ser um organismo endosimbionte cultivável em in vitro com adição de nutrientes básicos, denotando características evolutivas complexas (Trindade-Silva *et al.*, 2009; Yang *et al.*, 2009).

Nesse contexto, salienta-se a existência de uma variedade cepas semelhantes de *T. turnerae*, sendo 9 gêneros de endosimbionte encontrados em 23 espécies diferentes de vermes navais da espécie bivalves. (Yang *et al.*, 2009)

Figura 1 – Relações filogenéticas entre *T. turnerae* e gama-proteobactérias selecionadas.



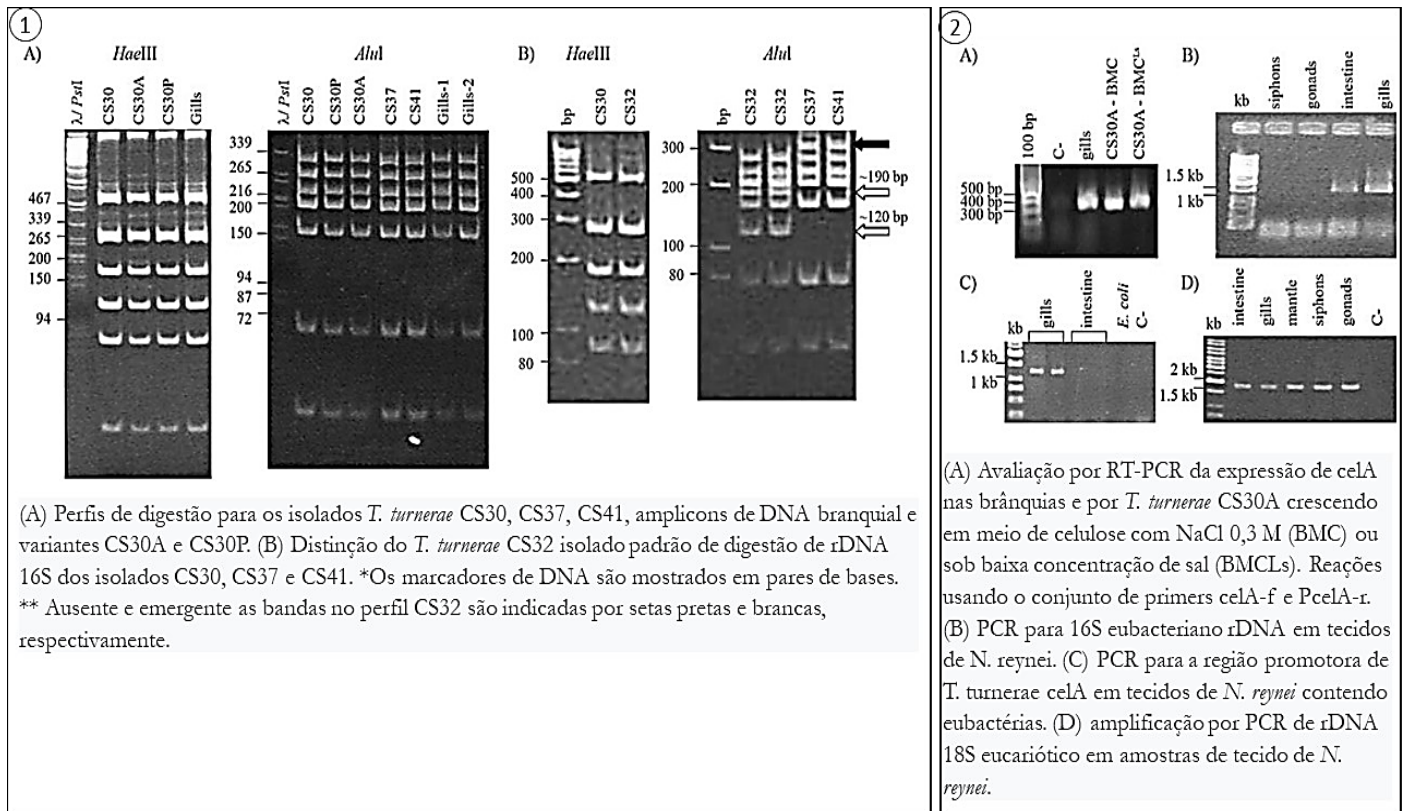
Fonte: Yang *et al.*, (2009, p.4). Adaptada

O genoma da cepa *T. turnerae* T7901 consiste em uma única molécula circular com 5.192.641 pares de

bases, sendo 50,8% compostos de G+C. Esse genoma contém 4.690 regiões previstas de codificação de proteínas. Entre estas, 3.067 (65,4%) poderiam ser designadas com base na homologia inferida, enquanto 1.026 (21,9%) são consideradas proteínas hipotéticas - ou seja, sem nenhuma homologia relacionada a proteínas identificadas anteriormente. Além disso, 589 (12,2%) são proteínas hipotéticas conservadas, indicando homologia com proteínas hipotéticas codificadas em outros genomas. As 26 restantes (0,5%) parecem ter homologia com proteínas cuja função ainda é desconhecida experimentalmente. Em média, o comprimento do ORF é de 973 pb, enquanto a região intergênica possui em média 130 pb. Não foram identificados elementos extracromossômicos (Yang *et al.*, 2009).

A bactéria *T. turnerae* é o único endossimbionte encontrado nas brânquias do verme marinho que foi isolado, cultivado e teve seu genoma mapeado com sucesso. Através de anotação automática e pesquisas manuais do proteoma previsto de *T. turnerae* utilizando BLAST, foi identificado um gene (NCBI Reference Sequence: WP_019602454.1) que codifica uma enzima LPMO AA10, doravante chamada de Tt AA10A. A sequência da proteína prevista contém um peptídeo sinal na extremidade N-terminal, o domínio LPMO, uma região de ligação rica em serina e um domínio CBM ligado a carboidratos. Os AA10s foram descobertos com os domínios CBM2, CBM3, CBM5, CBM10, CBM12, CBM18 e CBM73 anexados, conforme informação fornecida por Bernard Henrissat. Eles são reconhecidos por sua atividade em celulose ou quitina. Acredita-se que os domínios CBM10 tenham capacidade de se ligar à celulose e, assim, possibilitar o reconhecimento da celulose, provavelmente sem envolver um processo catalítico. Embora os CBMs anexados às proteínas AA10 sejam distintos daqueles frequentemente observados, sua presença na estrutura do gene Tt AA10A indica que essa proteína provavelmente atua principalmente em polissacarídeos à base de glicose (Fowler *et al.*, 2019).

No trabalho de Trindade-Silva *et al.*, (2009) foi aplicado o rastreamento por PCR (*Polymerase Chain Reaction*) para determinar a maior concentração de bactérias simbióticas, analisando assim diferentes regiões do verme naval, sendo elas brânquias, gônadas, manto, sífões e intestinos. Nesta análise sugeriu-se que a *T. turnerae* estão restritas às brânquias do hospedeiro. As variantes purificadas de CS30A e CS30P foram confirmadas como sendo *T. turnerae* (T7901) por análise de 16S rDNA. No entanto, foram encontradas outras variantes de *T. turnerae* que desenvolveram características evolutivas ao desenvolver-se *in vitro* em meio de baixa concentração salina. Também foram confirmadas atividades antibióticas, embora seu estímulo para esta característica ainda não tenha sido elucidado. Outra afirmação do autor foi a necessidade de salinidade (relativo às variantes) e a disponibilidade de celulose para o ótimo crescimento (Trindade-Silva *et al.*, 2009).

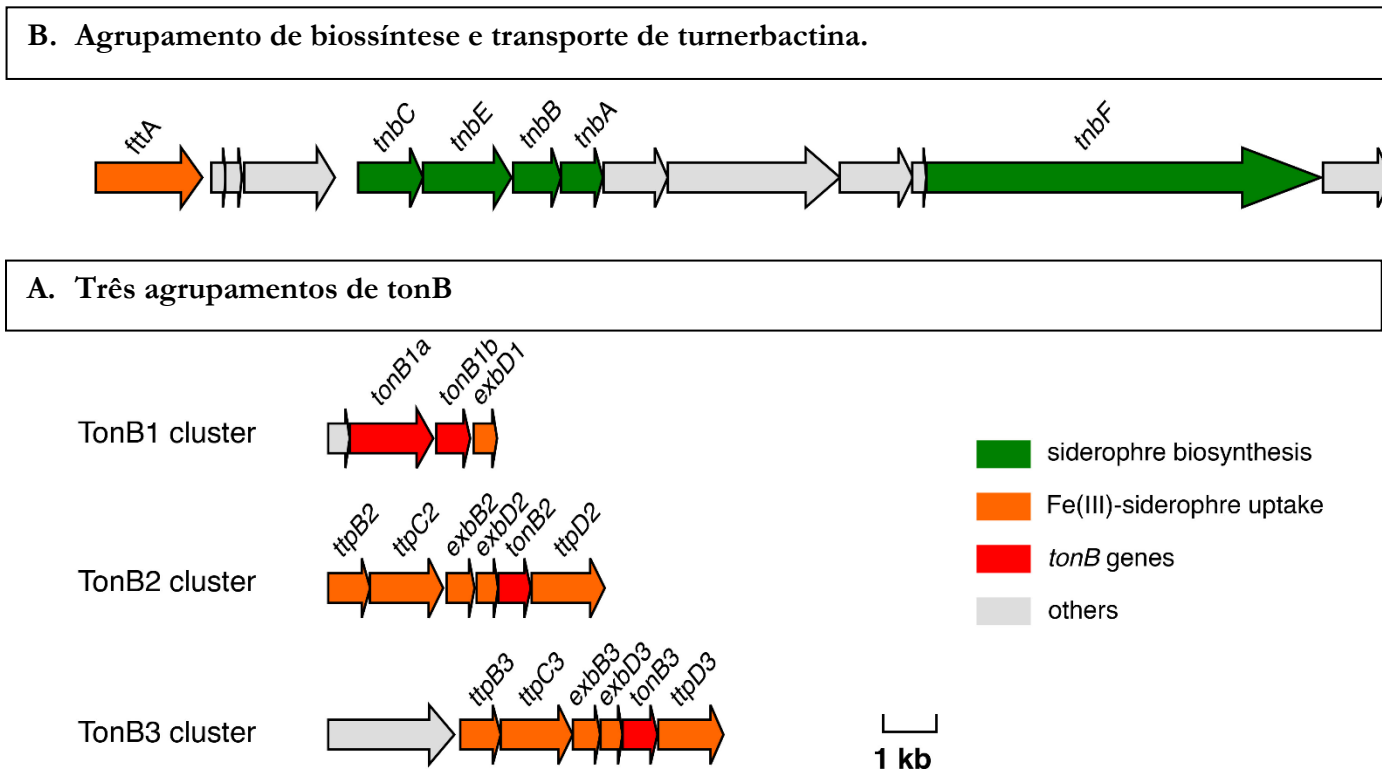
Figura 2 – PCR de rDNA 16S amplificados a partir de isolados de *T. turnerae*.

Fonte: Trindade-Silva *et al.*, 2009, p.575 e 576). Adaptada

Yang *et al.*, (2009) estabelece que a análises filogenéticas de sequências de 16S rRNA ajudam a identificar bactérias intimamente relacionadas para comparação genômica com *T. turnerae* T7901. Indicando que *T. turnerae* está mais intimamente relacionado a vários endossimbionte bacterianos, ainda não cultivados, que foram identificados em tecidos branquiais de vermes navais com metodologias independentes de cultivo (Yang *et al.*, 2009)

Teredinibacter turnerae é o pioneiro entre os simbiontes bacterianos isolados de vermes navais. Essa bactéria produz enzimas que quebram celulose e fixa o nitrogênio da atmosfera, o que pode auxiliar no metabolismo dos vermes navais que vivem em ambientes de madeira com baixa quantidade de nitrogênio. A cepa *T. turnerae* T7901 possui diversos grupos de genes relacionados a metabólitos secundários, incluindo a capacidade de produzir compostos bioativos. Um desses grupos, localizado na região 7, contém os genes responsáveis pela produção do sideróforo turnerbactina. Através do sequenciamento e análise metagenômica, foi observado que o grupo presente na Região 7 e seus similares estão presentes na família de grupos de genes GCF_8, sendo encontrados em todas as cepas sequenciadas de *T. turnerae*, assim como em outras bactérias simbióticas de vermes navais. Isso destaca a relevância desse grupo para a fisiologia das bactérias simbióticas que habitam os vermes navais. O gene *tnbF*, responsável pela codificação de uma sintetase peptídica não ribossômica neste conjunto, mostrou-se crucial para a produção de turnerbactina e a sobrevivência dessa bactéria em situações de escassez de ferro (Naka & Haygood, 2023).

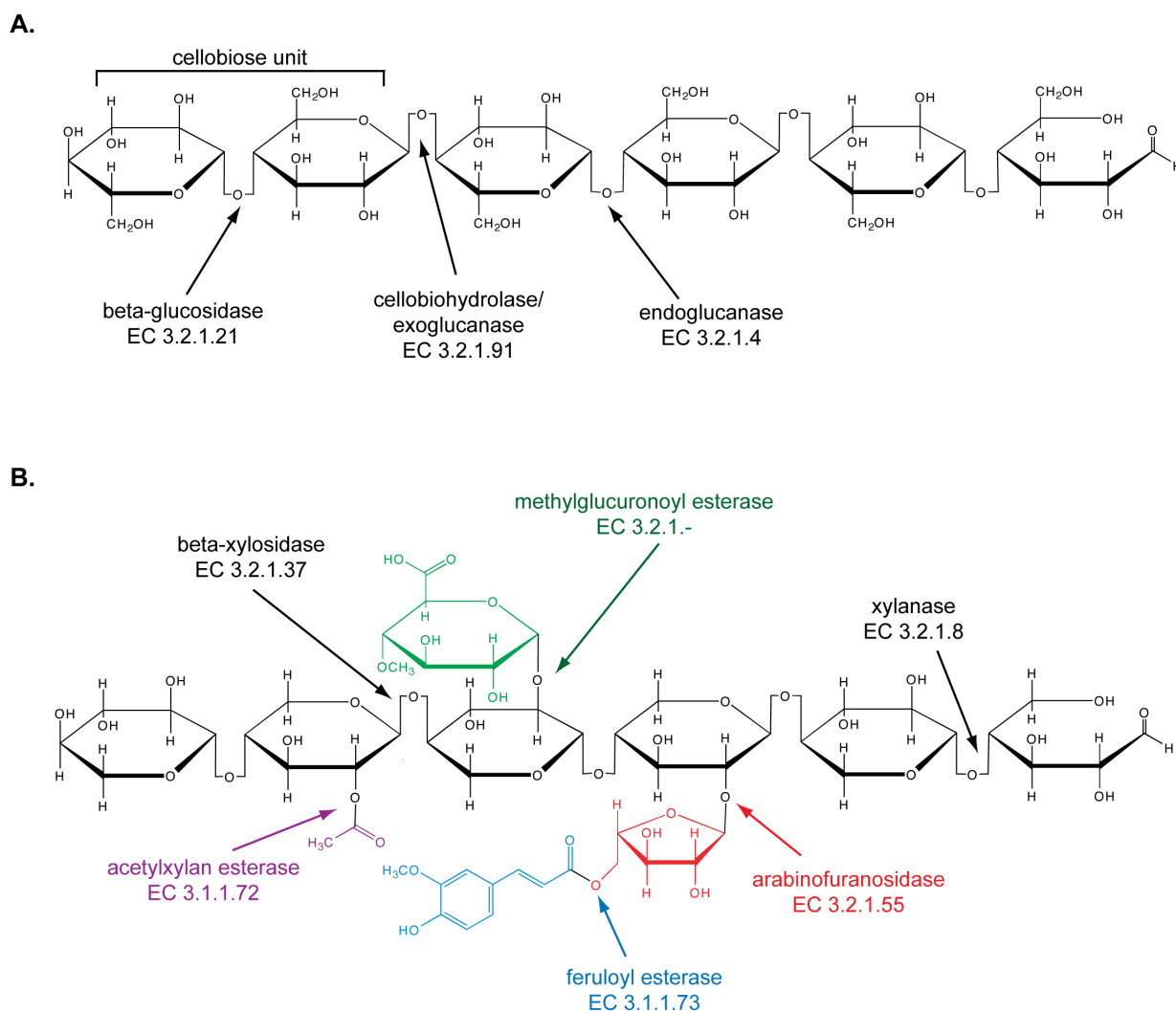
Figura 3 – Agrupamentos de genes envolvidos no transporte de ferro mediado por sideróforos



Fonte: Naka & Haygood (2023, p.4). Adaptada

No artigo de Fowler *et al.* (2019) é afirmado que a microbiota endossimbiótica denotada de simbiose de metabolitos bioativos dos vermes navais conseguem produzir uma grande variedade de enzimas que são codificadas pelos genes bacterianos, entre elas se destacam as LPMOs (Monoxigenases de polissacarídeos líticos) da família AA10 e as glicosil hidrolases das famílias celobiohidrolases e GH6 são encontradas principalmente no trato intestinal de ruminantes, principalmente em bovinos da raça holandesa, estão são classificadas em famílias, assim como os LPMOs, denotando uma importante ferramenta digestão de material lignocelulósico (Wang *et al.*, 2013; Fowler *et al.*, 2019).

As LPMOs pertencem a sete famílias (AA9, AA10, AA11, AA13, AA14, AA15 e AA16) no banco de dados CAZy (Carbohydrate-Active enZYmes) (www.cazy.org), classificadas de acordo com a similaridade de sequência. Os LPMOs da família AA9 são enzimas de fungos ativas em celulose, com capacidade oxidativa em C1 e/ou C4. A família AA10 apresenta uma maior complexidade em relação à origem das espécies e ao substrato específico. Os membros da família AA10 provêm de arqueas, bactérias, fungos ou vírus, podendo atuar tanto em quitina quanto em celulose. Na família AA10, todos os LPMOs ativos em quitina são oxidantes em C1, enquanto em celulose alguns são oxidantes em C1 e outros em C1 e C4. Não foram identificados LPMOs ativos em celulose, oxidando o carbono C4, exclusivamente na família AA10. (Zhou, Huang & Zhu, 2019)

Figura 4 – Degradação enzimática de componentes comuns de materiais vegetais lenhosos.

Fonte: Yang *et al.*, (2009, p.3). Adaptada

Pode-se concluir que entre a microbiota existente no clado Teredinidae, destaca-se o grupo de bactérias gram negativa endossimbiótica *Teredinibacter*, encontrados na região branquial do verme, apresentam domínios catalíticos celobiohidrolase (EC 3.2.1.91) e β -1,4(3) endoglucanase (EC 3.2.1.4) capacidade de ligação a celulose e quitina, e de degradação de diversos polissacarídeos complexos. Essas características estão presentes em duas gerações de *T. turnerae* a T 8201 e T 7901 (Trindade-Silva *et al.*, 2009; Yang *et al.*, 2009; Ekborg *et al.*, 2007; Naka & Haygood, 2023).

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

No que se refere aos mecanismos para a quebra lignocelulósica, ficou claro que a microbiota presente nas brânquias do clado Teredinidae tem um papel importante na assimilação de nutrientes disponível nos materiais lenhosos, se utilizando de ferramentas metabólicas presentes em seu genoma, exemplificado nos genes TonB, possivelmente para utilização de carboidratos derivados da celulose, para a captação de ferro através do

sideróforo endógeno, como também destacasse a produção de proteínas LPMOs AA10 e as glicosil hidrolases: celobiohidrolases e GH6.

Todos os trabalhos analisados, denotam um grande potencial da utilização do material gnômico da *Teredinibacter turnerae* com fomento da utilização de seus mecanismos metabólicos específicos para a indústria de produção de etanol 2G, no tocante a seus mecanismos de quebra do material lignocelulósico.

Como destacado nos trabalhos de Tindade-Silva *et al.*, (2009), Yang *et al.*, (2009), Fowler *et al.*, (2019), Zhou, Huang & Zhu (2019) e Naka & Haygood, (2023) á, ainda, muitas variantes a serem analisadas, todos os trabalhos que tem como referência a compreensão dos processos metabólicos envolvidos nas relações endossimbiótica *Teredinibacter* com o clado *Teredinidae* apresenta um quadro mais amplo de interação evolutiva correspondente as relações ecológicas e, por tanto, sua expressão genômica. Assim, conclui-se que todas as pesquisas nesta temática têm grande valor científico e, portanto, torna-se de grande valia para a produção energética e sustentável.

Agradecimentos

Agradecimentos ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará - Campus Maracanaú e ao Programa de Pós-Graduação em Energias Renováveis (PPGER)

Conflitos de interesses

Os autores declaram que não há conflitos de interesse. Todos os autores estão cientes da submissão do artigo.

Contribuições dos autores

Fernando Gil Mesquita de Freitas Gonçalves contribui para a elaboração da problemática e escrita do trabalho. Alexandre Castro Santos contribuiu com a leitura e seleção dos artigos trabalhados. Bruno Viana de Souza contribuiu com a tradução e revisão gramaticais. João Carlos da Costa Assunção contribuiu como na leitura e orientação do trabalho.

REFERÊNCIAS

Balan V, Bals B, Chundawat SPS, Marshall D, Dale BE. (2009). Lignocellulosic Biomass Pretreatment Using AFEX. In: JR Mielenz, editor. *Biofuels: Methods and protocols* (pp. 61– 77) New Jersey: Humana Press.

Brito, J. L. R. de, Mataí, P. H. lara dos S., & Santos, M. R. dos. (2024). Inovação e a produção do etanol de cana-de-açúcar. *Revista De Gestão E Secretariado*, 15(3), e3537. <https://doi.org/10.7769/gesec.v15i3.3537>

Brito, Thaís Lima. (2018). *Prospecção metagenômica e cultivo-dependente de substâncias bioativas produzidas por bactérias associadas aos moluscos da família Teredinidae e estudo da citotoxicidade do tartrolon D*. (Dissertação de mestrado - Programa de Pós-Graduação em Farmacologia, da Faculdade de Medicina da Universidade Federal do Ceará.) <https://repositorio.ufc.br/handle/riufc/36413>.

Bussamra, Bianca Consorti. (2014). *Melhoramento de coquetéis enzimáticos para a hidrólise do bagaço de cana-de-açúcar*. 2014. 94 p. (Dissertação de mestrado - Universidade Estadual de Campinas, Faculdade de Engenharia Química, Campinas, SP). <https://hdl.handle.net/20.500.12733/1624239>.

Ekborg Não A, Morrill C, Burgoína AM, Eueu, Distel Eueu (2007). CelAB, uma celulase multifuncional codificada por *Teredinibacter turnerae* T7902 T, um simbiote cultivável isolado do bivalve marinho perfurador de madeira *Lyrodus pedicellatus*. *Appl Environ Microbiol* 73:. <https://doi.org/10.1128/AEM.00876-07>

Fowler, C. A., Sabbadin, F., Ciano, L. *et al.* (2019) Discovery, activity and characterisation of an AA10 lytic polysaccharide oxygenase from the shipworm symbiont *Teredinibacter turnerae*. *Biotechnol Biofuels* 12, 232. <https://doi.org/10.1186/s13068-019-1573-x>

Himmel, M. E., Ding, S. Y., Johnson, D. K., Adney, W. S., Nimlos, M. R., Brady, J. W., & Foust, T. D. (2007). Biomass recalcitrance: engineering plants and enzymes for biofuels production. *Science (New York, N.Y.)*, 315(5813), 804–807. <https://doi.org/10.1126/science.1137016>

Naka, H., & Haygood, M. G. (2023). The dual role of TonB genes in turnerbactin uptake and carbohydrate utilization in the shipworm symbiont *Teredinibacter turnerae*. *bioRxiv: the preprint server for biology*, 529781. <https://doi.org/10.1101/2023.02.23.529781>

Ogeda, T. L., & Petri, D. F. S.. (2010). Hidrólise Enzimática de Biomassa. *Química Nova*, 33(7), 1549–1558. <https://doi.org/10.1590/S0100-40422010000700023>

Rubin, E. (2008) Genomics of cellulosic biofuels. *Nature* 454, 841–845. <https://doi.org/10.1038/nature07190>

Trindade-Silva, A. E., Machado-Ferreira, E., Senra, M. V., Vizzoni, V. F., Yparraguirre, L. A., Leoncini, O., & Soares, C. A. (2009). Physiological traits of the symbiotic bacterium *Teredinibacter turnerae* isolated from the mangrove shipworm *Neoteredo reynei*. *Genetics and molecular biology*, 32(3), 572–581. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572009005000061>

Wang, Lingling, Ayat Hatem, Umit V. Catalyurek, Mark Morrison, and Zhongtang Yu. (2013). Metagenomic Insights into the Carbohydrate-Active Enzymes Carried by the Microorganisms Adhering to Solid Digesta in the Rumen of Cows. *PLoS ONE* 8(11):1–11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0078507>

Yang JC, Madupu R, Durkin AS, Ekborg NA, Peadarallu CS, Hostetler JB, *et al.* (2009) The Complete Genome of *Teredinibacter turnerae* T7901: An Intracellular Endosymbiont of Marine Wood-Boring Bivalves (Shipworms). *PLoS ONE* 4(7): e6085. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006085>

Zhou, Xiaoli, Xiaohua Qi, Hongxia Huang, and Honghui Zhu. (2019). Sequence and Structural Analysis of AA9 and AA10 LPMOs: An Insight into the Basis of Substrate Specificity and Regioselectivity. *International Journal of Molecular Sciences* 20(18), 4594. <https://doi.org/10.3390/ijms20184594>