



DIVERSIDADE DE COMUNIDADES BACTERIANAS DE SOLO DO MANGUEZAL DO RIO JAGUARIBE, FORTIM - CE

Vanessa Lúcia Rodrigues Nogueira

Lidianne Leal Rocha; Laís Feitosa Machado; Vânia Maria Maciel Melo

Universidade Federal do Ceará

Av. Humberto Monte s/n - Campus do Pici - CEP 60.455 - 760, Fortaleza, Ceará - Brazil

Departamento de Biologia, Bloco 909, Laboratório de Ecologia Microbiana e Biotecnologia

vanessa.lucia@gmail.com»vanessa.lucia@gmail.com; lidianneleal@gmail.com»lidianneleal@gmail.com; laisfmachado@gmail.com»laisfmachado@gmail.com; vmmelo@ufc.br»vmmelo@ufc.br

INTRODUÇÃO

Manguezais são ecossistemas litorâneos tropicais e subtropicais que se caracterizam por sua alta produtividade e por seu papel fundamental no histórico de vida de inúmeros organismos marinhos (Branco *et al.*, 2003). Sua comunidade típica, formada por mangues, animais, algas, fungos e bactérias (Kathiresan & Bingham 2001), cresce na interface dos meios terrestre, marinho e fluvial e suporta condições de alagamento, elevada salinidade, ventos fortes, altas temperaturas e sedimentos anaeróbicos. Os micro-organismos residentes de manguezais são considerados seres vivos de estado dinâmico. Devido à sua grande plasticidade genotípica, manifestam, em pouco tempo, fenótipos distintos, se adaptando, dessa forma, a diversas mudanças nos parâmetros ambientais (Roszak & Colwell 1987). O entendimento das influências ambientais ajuda a explicar a distribuição de micro-organismos na natureza. Variações em fatores como temperatura, pH e disponibilidade de água, de nutrientes e de oxigênio caracterizam-se como limitantes ao crescimento microbiano (Mandigan *et al.*, 2004). Dessa forma, ambientes com diferentes condições abióticas e bióticas são habitados por micro-organismos que apresentam padrões genéticos distintos.

OBJETIVOS

Considerando que, atualmente, poucos estudos são voltados ao entendimento da diversidade microbiana em

manguezais, esse trabalho objetivou fazer um levantamento da diversidade de comunidades bacterianas de sedimentos do manguezal do Rio Jaguaribe, Fortim, Ceará.

MATERIAL E MÉTODOS

As amostras de sedimento foram coletadas em replicatas, a uma profundidade de 10 cm, em três pontos distintos: Ponto 1 P1, próximo à margem do rio, em local sem vegetação; Ponto 2 P2, rizosfera de *Rhizophora mangle*; Ponto 3 P3, rizosfera de *Avicennia schaueriana*. Os fatores ambientais (temperatura, pH, salinidade) foram medidos *in situ* e a granulometria e o teor de matéria orgânica dos sedimentos foram analisados em laboratório. Uma análise de cluster baseada na distância euclidiana foi realizada para verificar as diferenças entre os fatores abióticos nos três pontos. Para avaliar a diversidade bacteriana, uma amostra composta de cada ponto foi usada para construir uma biblioteca representando cada região do manguezal. Para isso, as amostras foram submetidas à extração de DNA, à amplificação do gene 16S RNAr por PCR e à clonagem para transformação de células de *Escherichia coli* eletrocompetentes. Os clones obtidos foram submetidos à extração plasmidial, sendo, posteriormente, sequenciados. As sequências obtidas foram submetidas ao *Ribosomal Database Project* - RDP para remoção de vetor, análise de qualidade e classificação taxonômica. As sequências foram classificadas

em unidades taxonômicas operacionais - UTOs usando o programa DOTUR, que também foi utilizado para calcular os índices de diversidade das amostras.

RESULTADOS

As análises realizadas pelo RDP apontaram a presença de um grande percentual de bactérias desconhecidas em todos os pontos amostrados. As três bibliotecas apresentaram uma dominância do filo Proteobacteria, com presença abundante das classes Deltaproteobacteria (P1 = 21%; P2 = 16.5%; P3 = 6%) e Gammaproteobacteria (P1 = 6%; P2 = 9%; P3 = 15%). Os demais filios classificados apresentaram algumas diferenças entre as bibliotecas, tanto na abundância como na presença de alguns grupos. P1 apresentou o maior número de filios classificados, com segundo grupo mais abundante sendo Bacteroidetes, seguido por Cyanobacteria, Planctomycetes, Acidobacteria, Chloroflexi, Deferribacteres, Actinobacteria e Verrucomicrobia. P2 apresentou o menor número de filios classificados e Bacteroidetes também foi o segundo filo mais abundante, seguido por Chloroflexi, Acidobacteria, Cyanobacteria e Firmicutes. Já em P3, os filios Acidobacteria e Bacteroidetes foram os mais abundantes depois de Proteobacteria, seguidos por Chloroflexi, Planctomycetes, Firmicutes e Verrucomicrobia.

O número de UTOs encontradas para as bibliotecas foi variável. Poucas delas foram compartilhadas entre as bibliotecas e nenhuma foi compartilhada entre os três pontos. Esses resultados mostram uma diversidade de UTOs única e específica para cada região do manguezal, confirmando a existência de padrões das comunidades bacterianas dentro do ecossistema. Apesar dos fatores abióticos analisados não apresentarem diferenças significativas entre os três pontos (distância euclidiana de 10), a análise das bibliotecas pelo S - LIBSHUFF

apresentou uma diferença significativa entre sua diversidade, com $P = 0,0067$ (intervalo de confiança de 95%). A análise dos índices de diversidade (Shanon e Simpson) e dos estimadores de riqueza (ACE e CHAO1) mostrou que a biblioteca do ponto P1 foi a mais diversa entre elas e a de P2, a menos diversa.

CONCLUSÃO

A análise de bibliotecas genômicas de sedimentos do manguezal do Jaguaribe revelou a existência de um padrão de distribuição espacial das comunidades bacterianas dentro do manguezal. Provavelmente, as plantas de mangue exercem uma influência seletiva (“efeito rizosférico”) nas comunidades bacterianas que determinam sua diversidade e distribuição. Este fato é bem representado pelas diferenças de riqueza e abundância de grupos bacterianos encontrados nos microhabitats do manguezal.

(Instituições Financiadoras: CNPq, Funcap)

REFERÊNCIAS

- Branco, L.H.Z. *et al.*, 2003. Biodiversidade e considerações biogeográficas das *Cyanobacteria* de uma área de manguezal do estado de Pernambuco, Brasil. *Act. bot. bras.*, 17: 585 - 596.
- Kathiresan, K., Bingham, B.L. 2001. Biology of mangroves and mangrove ecosystems. *Advances in marine biology*, 40:81 - 251.
- Mandigan, M.T., J.M.Martinko & J. Parker. 2004. Microbiologia de Brock. São Paulo: Pearson Prentice Hall.
- Roszakt, D.B., Colwell, R.R.. 1987. Survival Strategies of Bacteria in the Natural Environment. *Microbiological Reviews*, 51:365 - 379.