



ANÁLISE DA DIVERSIDADE GLOBAL DA MICROBIOTA DE FUNGOS ENDOFÍTICOS ISOLADOS DE PLANTAS DE MANGUEZAIS: UM AMBIENTE BIOTECNOLÓGICAMENTE PROMISSOR E ALTAMENTE IMPACTADO

Autores: Maria Carolyn Camargo FLORENTINO¹, Ana Laura Piccoli BOSSADA¹, Maico João TROMBELLI², Sandro Augusto RHODEN².

¹Bolsista PIBIC-EM/CNPq, discente do curso Técnico em Administração Integrado ao Ensino Médio do Instituto Federal Catarinense, *Campus* São Francisco do Sul, ²Bolsista PIBIC-EM/CNPq, discente do curso Técnico em guia de Turismo Integrado ao Ensino Médio do Instituto Federal Catarinense, *Campus* São Francisco do Sul ² Docente Campus São Francisco do Sul. Avaliação na modalidade: Pesquisa; Área do conhecimento/Área Temática: Ciências Biológicas; Nível: Médio.

Introdução

Os manguezais são encontrados em toda a costa brasileira, desde o Amapá até Santa Catarina, representando aproximadamente 25% de todos os manguezais existentes no mundo. O Brasil é o terceiro país com maior extensão de manguezais, porém, o país perdeu aproximadamente 50 mil hectares de manguezais nos últimos 25 anos, principalmente ao longo das costas sudeste e sul (FAO, 2007).

A Baía Babitonga é um importante estuário do Atlântico Sul, cobrindo aproximadamente 160 Km² de superfície de água. Esta região é classificada como uma área de significativa função ecológica, com uma alta prioridade de conservação, pois contém um dos últimos remanescentes áreas de manguezais no Hemisfério Sul (Cremer, 2006).

As plantas abrigam em seus tecidos vegetais, umas diversidades de micro-organismos, entre eles, destacam os endófitos, que são fungos e bactérias que na condição de endófitos não causam danos ao seu hospedeiro (ARAÚJO et al., 2002).

A importância da Baía Babitonga, aliados a pressão antrópica nos manguezais e a diversidade de micro-organismos endofíticos, a realização desse trabalho objetivou: a identificação dos fungos mais prevalentes isolados como endofíticos em plantas de manguezais, a localização geográfica e a espécie de planta hospedeira. O trabalho também objetivou realizar a análise filogenética dos fungos isolados de plantas de manguezais que possuem depósito de sequências BARCODE (ITS) nos bancos de dados genômicos.



Material e Métodos

O trabalho foi dividido nas seguintes etapas:

a) selecionar os artigos utilizando o Portal de Periódico CAPES - Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, como fonte dos artigos que isolaram fungos endofíticos de plantas de manguezal (palavras chave: mangrove; endophytes fungi).

b) após a seleção dos trabalhos, foi realizado a identificação dos principais gêneros de plantas, fungos e o local geográfico do isolamento;

c) Com a ferramenta do Excel os dados foram planilhados;

d) do total de trabalhos foram selecionados os trabalhos que utilizaram o sequenciamento de genes (BARCODE), com depósito em bancos de dados, essas sequências foram resgatadas no bancos de dados genéticos (GenBank), de acordo com RHODEN et al., 2013.

e) as sequências então foram analisados em software de análise, para alinhamento e análise filogenética. O alinhamento está sendo realizado com a utilização do programa CLUSTAL-W e para análise filogenética o programa MEGA 7 (KUMAR et al., 2016), utilizando o agrupamento NEIGHBOR-JOINING com 1000 repetições Bootstrapping (BP). As análises e resultados são os resultados do projeto “ Estudo *In silico* de marcadores moleculares de fungos endofíticos de plantas de mangue”.

Resultados e discussão

Os endófitos, podem modificar as plantas em nível genético, fisiológico e também ecológico, provocando, dessa forma, mudanças na maneira como as plantas respondem aos estímulos no seu ambiente (LUCERO et al., 2006).

Os resultados dos trabalhos analisados encontram-se nas Tabelas 1 e 2, no gráfico-1 e na Figura-1.

Planta	FUNGO																				
	Penicillium sp	Aspergillus sp.	Rhizopus sp.	Mucor sp.	Curvularia sp	Diaporthe sp	Guignardia sp	Neosartorya sp	Eupenicillium sp.	Streptomyces sp.	Absidia glauca	Acrophialophora sp.	Alternaria sp.	Cladosporium sp.	Cunninghamella sp	Gliocladium sp	Fusarium sp	Melanospora sp.	Myrothecium sp.	Nigrospora sp.	
Rhizopora sp.	4 Ind.	3 Ind.	1 Ind.	1 Ind.	0	0	1 Bra.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1 Ind.	0	0	0
Bruguiera gymnorrhiza L.	1 Ind.	1 Ind.	1 Ind.	1 Ind.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Avicennia sp.	(1 Mal.)	(1 Mal/1 Índ.)	0	0	(1 Mal.)	1 Mal.	1 Mal.	1 Mal.	1 Mal.	0	1 Índ.	1 Índ.	1 Índ.	1 Índ.	1 Índ.	1 Índ.	1 Índ.	1 Índ.	1 Índ.	1 Índ.	1 Índ.
Kandelia sp.	0	1 Índ.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Aegiceras comiculatum	0	1 Índ.	0	0	0	0	0	0	0	1 Chi.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Laguncularia racemosa	1 Bra.	0	0	0	0	0	1 Bra.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1 Bra.	0	0	0
Total	7	8	2	2	1	1	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1

Tabela-1: Gênero de planta, fungo e local geográfico do isolamento (Bra: Brasil; Mal: Malásia; Chi: China; Ind: Indonésia; Índ: Índia).



Planta	FUNGO																						
	Pestalotia sp.	Trichoderma sp.	Purpureocillium sp.	Ampelomyces sp.	Hypocrea lixii	Chloridium sp.	Colletotrichum sp.	Glomerella sp.	Nodulisporium sp.	Periconia sp.	Didymosphaeria sp.	Phomopsis sp.	Preussia sp.	Scopulariopsis sp.	Sordaria sp.	Torula sp.	Hormonema sp.	Microsphaeropsis sp.	Phoma sp.	Phyllosticta sp.	Sphaerosporium sp.	Dothiora sp.	Total
Rhizopora sp.	0	1 Ind.	0	1 Ind.	1 ind.	0	0	1 Bra.	1 Bra.	1 Bra.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1 Bra.	1 Bra.	0	19
Bruguiera gymnorrhiza L.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Avicennia sp.	1 ind.	1 ind.	0	0	1 ind.	1 Bra.	1 Bra.	1 Bra.	1 Bra.	1 Bra.	1 Bra.	2 Bra.	1 Bra.	1 Bra.	1 Bra.	1 Bra.	0	0	0	0	0	0	33
Kandelia sp.	0	0	1 Chi.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Aegiceras comiculatum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Laguncularia racemosa	0	1 Bra.	0	0	0	0	1 Bra.	1 Bra.	1 Bra.	0	0	3 Bra.	0	0	0	0	1 Bra.	1 Bra.	2 Bra.	0	0	1 Bra.	15
TOTAL	1	3	1	1	2	1	2	2	2	2	1	5	1	1	1	1	1	1	2	1	1	1	

Tabela-2: Gênero de planta, fungo e local geográfico do isolamento (Bra: Brasil; Mal: Malásia; Chi: China; Ind: Indonésia; Índ: Índia).

Dos trabalhos analisados, verificou-se que o fungo mais frequente encontrado foi o *Penicillium sp.*, a maior quantidade de fungos isolados foi na planta *Avicennia* com 33 isolados e o Brasil com o maior número de isolados.

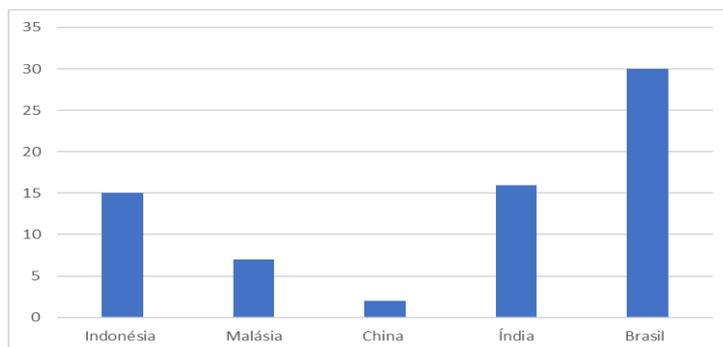


Gráfico-1: número de isolados por localização geográfica.

Os manguezais são ambientes altamente impactados, possuem uma diversidade biológica de fungos endofíticos ainda pouco explorada. Estes fungos podem ser utilizados para prospecção química de compostos bioativos.

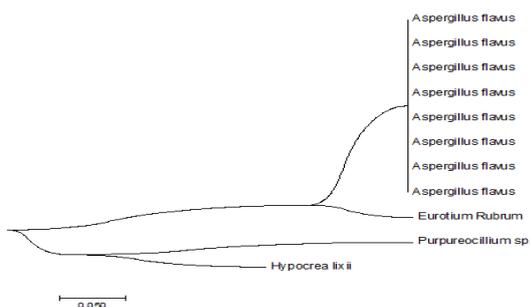


Figura-2: Análise filogenética dos fungos isolados de plantas de mangue, utilizando o sequenciamento da região ITS do rDNA.



Estudos como o de Rhoden et al., 2013 demonstram a importância deste modelo de estudo, pois a partir deles, também é possível estabelecer a frequência de determinados gêneros de fungos associados a determinadas plantas, como também auxiliar em futuros estudos de bioprospecção, na área ambiental, agrônômica e da saúde.

Conclusão

Dos trabalhos analisados, verificou-se que o fungo mais frequente encontrado foi o *Penicillium* sp., a maior quantidade de fungos isolados foi da planta *Avicennia* sp. com 33 isolados, o Brasil com maior frequência de endófitos. Apesar da grande distribuição de manguezais pelo mundo é baixa a exploração destes fungos para a bioprospecção. Os resultados deste trabalho serão importantes para as futuras atividades relacionadas a bioprospecção de fungos de manguezais na Baía Babitonga.

Referências

- ARAUJO, W.L.; LIMA, A.O.S.; AZEVEDO, J.L.; MARCON, J.; SOBRAL, J.K.; LAVACA, P.T. Manual: Isolamento de Microrganismos Endofíticos. 1ª ed. São Paulo: CALQ. 2002.
- CREMER, M.J., 2006. O estuário da Baía da Babitonga. In: Cremer, M.J., Morales, P.R.D., Oliveira, T.M.N. (Eds.), Diagnóstico Ambiental da Baía da Babitonga. Editora Univille, Joinville, pp. 15-19.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. The World's Mangroves 1980-2005. FAO Forestry Paper, Rome, 2007.
- KUMAR, S., STECHER, G., AND TAMURA, K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. Molecular Biology and Evolution msw054, 2016.
- LUCERO, M. E., BARROW, J. R., OSUNA, P., REYES, I. Plant-fungal interactions in arid and semiarid ecosystems: Large-scale impacts from microscale processes. Journal of Arid Environments, v. 65, n.2, p. 276-284, 2006.
- RHODEN, S.A., GARCIA, A., AZEVEDO, J.L., PAMPHILE, J.A. *In silico* analysis of diverse endophytic fungi by using ITS1-5,8S-ITS2 sequences with isolates from various plant families in Brazil. Genetics and Molecular Research, v.12, n. 12, p. 935-950, 2013.