



DIVERSIDADE GLOBAL DA MICROBIOTA DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS ISOLADAS DE PLANTAS DE MANGUEZAL: LOCALIZAÇÃO GEOGRÁFICA, GÊNEROS DE PLANTAS, DE BACTÉRIAS E PRESERVAÇÃO.

Autores: Ana Laura Piccoli BOSSADA¹, Maria Caroliny Camargo FLORENTINO², Maico João TROMBELLI³, Sandro Augusto RHODEN³.

¹Bolsista 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 Bolsista PIBIC-EM/CNPq, discente do curso Técnico em Administração Integrado ao Ensino Médio do Instituto Federal Catarinense, *Campus São Francisco do Sul* ³Docente Campus São Francisco do Sul. Avaliação na modalidade: Pesquisa; Área do conhecimento/Área Temática: Ciências Biológicas; Nível: Médio.

Introdução

O Brasil ocupa o terceiro lugar com maior extensão de manguezais, porém perdeu aproximadamente 50 mil hectares de manguezais nos últimos 25 anos, principalmente ao longo das costas sudeste e sul (FAO, 2007).

Dentre as regiões que possuem manguezais, destaca-se no Sul do Brasil, A Baía Babitonga, que é um importante estuário do Atlântico Sul, cobrindo aproximadamente 160 Km² de superfície de água, sendo desta forma, uma área de significativa função ecológica, com uma alta prioridade de conservação (CREMER, 2006).

Neste bioma encontram-se uma grande diversidade de espécies animais, vegetais e de micro-organismos. No interior das plantas de manguezal encontram-se os micro-organismos em condição endofítica, que são fungos e bactérias, que não causam danos aos seus hospedeiros nesta condição. Atualmente as bactérias endofíticas possuem uma série de aplicações na área de biotecnologia.

A realização desse trabalho teve como objetivo: a) identificar quais são as bactérias mais prevalentes, isoladas como endofíticas em plantas de manguezais; b) a localização geográfica do isolamento; c) a espécie de planta hospedeira; d) realizar a análise filogenética das bactérias isoladas de plantas de manguezais que possuem depósito de sequências BARCODE (16S Rrna) nos bancos de dados genômicos. O Objetivo final é o de auxiliar nos futuros trabalhos de bioprospecção de compostos oriundos de bactérias endofíticas isoladas de plantas.

Materiais e métodos

Para a análise da diversidade global da microbiota de bactérias endofíticas isoladas de plantas de manguezal, o presente trabalho foi dividido nas seguintes etapas:

a) 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, 16s Rna, endophytic bacteria);

b) com a ferramenta do Excel os dados foram planilhados, da seguinte forma: identificação dos principais gêneros de plantas, bactérias, seguidos do local geográfico do isolamento (País);

c) dos trabalhos analisados, foram selecionados os trabalhos que utilizaram o sequenciamento de genes (BARCODE 16S Rna), com depósito em bancos de dados. As sequências foram resgatadas nos bancos de dados genéticos (GenBank), de acordo com RHODEN et al., 2013.

d) as sequências então seguiriam para software de análise, para alinhamento e análise filogenética, de acordo com RHODEN et al., 2013.

Resultados e discussões

Os resultados referentes as bactérias isoladas, o gênero da planta e o local de isolamento encontram-se na tabela-1.

Nos trabalhos analisados o gênero de planta com mais isolados foi o Gênero *Rhizophora* sp., a bactéria mais frequente foi do gênero *Bacillus*, este gênero de bactéria também foi identificado no trabalho de Bredow et al., 2015 como sendo o mais frequente, em plantas de importância econômica, como milho, soja e trigo.



Tabela-1: Local Geográfico do isolamento (B:Brasil; C: China; in: Indonésia; I:India M: Malásia)

BACTÉRIAS	PLANTAS							Total
	Avicena sp.	Sonneratia sp.	Bruguiera sp.	Rhizophora sp.	Kandelia sp.	Spartina sp.	Xylocarpus sp.	
Alcaligenes sp.	3B	0	0	0	0	0	0	3
Bacillus sp.	5in, 1M, 9B	0	5in	8M, 5B	0	0	4M	37
Brevundimonas sp.	1B	0	0	0	0	0	0	1
Chloroflexi sp.	0	0	0	0	1C	1C	0	2
Chryseobacterium sp.	3B	0	0	0	0	0	0	3
Curtobacterium sp.	0	0	0	3B	0	0	0	3
Enterobacter sp.	5in	0	5in	2B	0	0	0	12
Erwinia sp.	1B	0	0	0	0	0	0	1
Escherichia coli sp.	0	0	0	1I	0	0	0	1
Klebsiella sp.	0	0	0	1I	0	0	0	1
Microbacterium sp.	2B	0	0	0	0	0	0	2
Novosphingobium sp.	3B	0	0	0	0	0	0	3
Ochrobactrum sp.	0	0	0	3B	0	0	0	3
Pantoea sp.	0	0	0	1M, 1B	0	0	0	2
Pseudomonas sp.	5in	0	5in	1I	0	0	0	11
Salmonella sp.	0	0	0	1I, 1M	0	0	0	2
Shigella sp.	0	0	0	1I	0	0	0	1
Sphingopyxis sp.	1B	0	0	0	0	0	0	1
Spirochaetes sp.	0	0	0	0	0	1C	0	1
Sporosarcina sp.	3I	0	0	1I	0	0	0	4
Staphylococcus sp.	1M	2M	0	2M	0	0	0	5
Stenotrophomonas sp.	0	0	0	1B	0	0	0	1
Streptococcus sp.	0	0	0	1I	0	0	0	1
Unidentified sp.	0	0	0	1M	0	0	0	1
Vibrio sp.	0	0	0	1I	0	0	0	1
Xanthomonas sp.	2B	0	0	26in	0	0	0	28
Yersinia sp.	0	0	0	1I	0	0	0	1
Total	46	2	15	63	1	2	4	132

O gênero *Bacillus* na biotecnologia pode ser utilizada no biocontrole, pois é de fácil cultivo e na forma esporulada pode ser utilizado diretamente nas sementes ou ainda como inoculante, além disso, apresenta efeito protetivo contra vários patógenos microbianos e também é capaz de promover o crescimento de plantas (Forchetti et al., 2007).

Com relação ao local geográfico do isolamento, estão representados na Figura-1 e 2. O primeiro identifica os principais locais de isolamento e a segunda figura demonstra os locais onde se encontram os manguezais de maneira global.

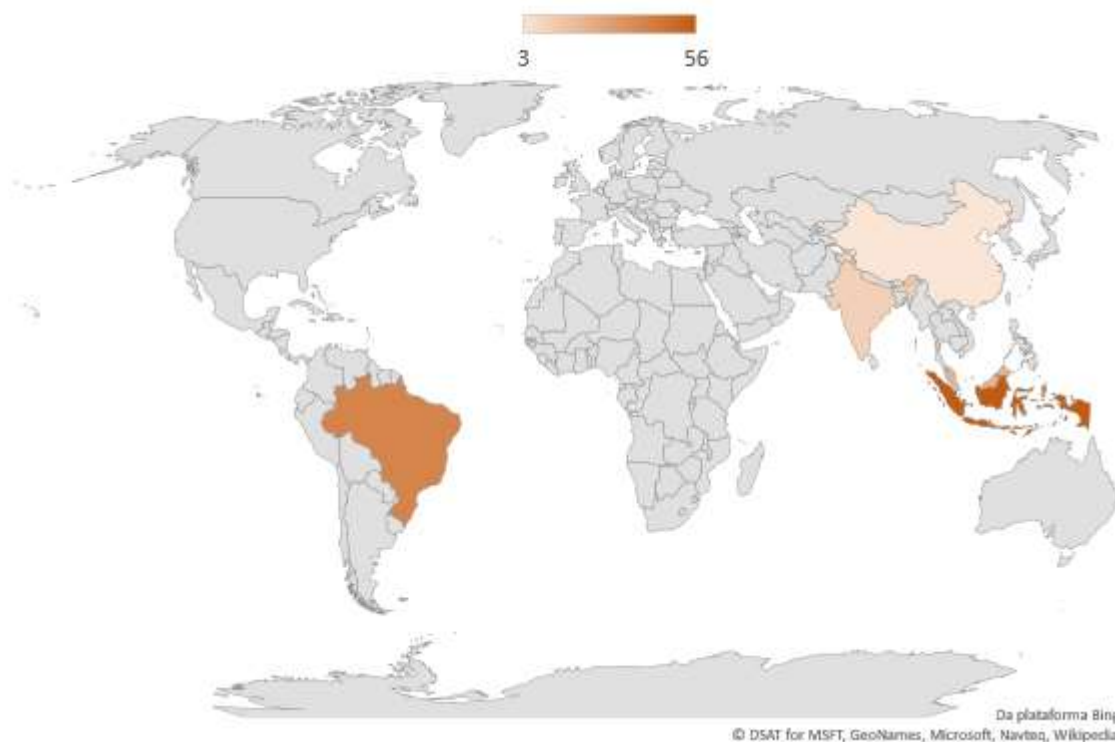


Figura-1: Países onde foram realizados os isolamentos (40 isolados no Brasil; 3 China; 11 Índia; 22 Malásia; 56 Indonésia (mapa gerado pelo Excel).



Figura-2: Distribuição dos manguezais pelo mundo (National Geographic Magazine)

Os mapas apresentados acima (Figura-1 e Figura-2) foram utilizados para representar a distribuição dos manguezais pelo mundo, com o objetivo de demonstrar a correlação existente entre os manguezais e os trabalhos realizados com o isolamento de bactérias endofíticas (mapa político). Fica evidente que o bioma manguezal é amplamente distribuído pela região equatorial, seriamente afetado pela exploração imobiliária, pesca predatória e a poluição. A análise filogenética é demonstrada na figura-3.

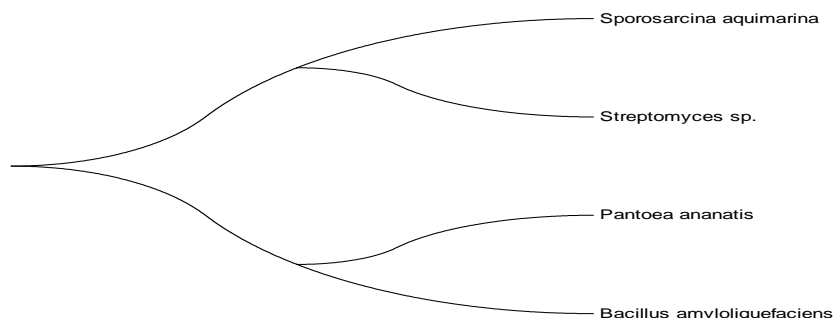


Figura-3: Análise filogenética das bactérias com o gene 16S Rrna disponíveis em banco de dados, isolados de plantas de manguezal.

Conclusão

A análise demonstrou que a planta com mais isolados foi o gênero *Rhizophora* sp., a bactéria mais frequente foi do gênero *Bacillus* e o Brasil como sendo o maior o país com maior número de isolados. Conhecer a diversidade de plantas já estudadas, é uma ferramenta valiosa para preservação, ainda levando em consideração o atual estado de preservação dos manguezais pelo mundo, na costa brasileira e especial a forte ação antrópica encontrada na Baía Babitonga.

Referências

BREDOW, C., AZEVEDO, J.L., PAMPHILE, J.A., MANGOLIN, C.A., e RHODEN, S.A. In silico analysis of the 16S rRNA gene of endophytic bacteria, isolated from the aerial parts and seeds of important agricultural crops. *Genetics and Molecular Research*, v. 14, p. 9703–9721, 2015.

CREMER, M.J. 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*. ed. Univille, Joinville, 2006.

Food and Agriculture Organization of the United Nations. The World's Mangroves 1980-2005. *FAO Forestry Paper*, Rome, 2007.

FORCHETTI G.; MASCIARELLI O.; ALEMANO S.; ALVAREZ D., ABDALA G.; Endophytic bacteria in sunflower (*Helianthus annuus* L.): isolation, characterization, and production of jasmonates and abscisic acid in culture medium. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* V. 76, n.5, p. 1145-1152, 2007.

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.