

### TLP-183. Diversidade e composição microbiana em esponjas marinhas do Arquipélago de São Pedro e São Paulo

Daniilo Tosta S.\*, Fabio S. Paulino S.\*, Camila Cristiane P.\*, Vanessa Nessner K.\*, Rodrigo Gouveia T.\*, Itamar Soares M.\*

\*Embrapa Meio Ambiente Brasil.

**Introdução.** As espécies de esponjas marinhas têm atraído interesse de pesquisa devido sua relação simbiótica com uma alta abundância microbiana e produção de biocompostos. Esses animais são grandes reservatórios de micro-organismos desconhecidos, muitos deles ainda não cultiváveis. A microbiota associada a esponjas representam, cerca de 40% da sua biomassa, sendo possível que muitas das bioatividades recém-descobertas em esponjas sejam atribuídas a grande diversidade de suas associações. Esse fato, aliado ao desconhecimento completo dessas associações para uma remota ILHA no infralitoral brasileiro, reforça o interesse em conhecer novas fontes de diversidade bacteriana, podendo guiar trabalhos de isolamento para exploração dessa fonte rica em metabólitos. Estudar a diversidade e composição das comunidades bacterianas associadas às esponjas marinhas em uma região pristina compreendendo o arquipélago de São Pedro e São Paulo-ASPSP.

**Materiais e métodos.** Três espécies de grande ocorrência no ASPSP, *Aplysina fulva*, *Didiscus oxeata* e *Chondrosia collectrix* foram coletadas por mergulho autônomo. Bibliotecas de amplicons visando a região v6 de genes 16s rRNA, comum ao domínio bacteria foi realizada e aplicada a tecnologia de sequenciamento ion PGM (ion personal genome machine).

**Resultados.** Nós revelamos comunidades bacterianas altamente diversas com 780 unidades taxonômicas operacionais (UTOS) a 97% de similaridade, a partir de 15 filós bacterianos com *A. fulva*, 886 utos foram identificadas em *D. oxeata* representando 14 filós, enquanto que 572 utos assinadas para 8 filós foram encontrados em *C. collectrix*. *A. fulva* apresenta uma alta proporção relativa de utos assinadas para actinobacteria, enquanto acidobacteria é dominante em *C. collectrix* e *D. oxeata*, revelando que as comunidades bacterianas diferem significativamente entre as espécies de esponjas.

**Conclusões.** As análises provêm evidências que as comunidades bacterianas associadas com espécies de esponjas marinhas são altamente diversas e divergentes a partir de uma única localização geográfica, sugerindo que o hospedeiro pode selecionar grupos microbianos por um mecanismo ainda pouco compreendido.