

MENENGAT; Talita Alves ¹, MACENA; Lorena da Graça Pedrosa de ², GUERRA; Caroline Rezende ³, COUTINHO; Ricardo ⁴

RESUMO

Os manguezais são ecossistemas costeiros de transição entre ambiente marinho e terrestre, característicos de regiões tropicais e subtropicais. São conhecidos como “berçário” natural de diversas espécies de animais, e, geralmente, localizados próximos a estuários e rios. Esse ecossistema único com elevada taxa de sedimentação, altos níveis de nutrientes e diversidade de microrganismos, têm ganhado notoriedade sob a iniciativa da economia do Carbono Azul, reduzindo os gases do efeito estufa graças a sua capacidade de armazenamento de carbono. As espécies arbóreas típicas de mangue influenciam na formação de uma variedade de tipos de sedimentos. Na rizosfera, região em torno das raízes, ocorrem interações complexas entre comunidades microbianas. O município de Armação dos Búzios-RJ, abriga um exemplar incomum de manguezal, denominado localmente como “Mangue de Pedra”. Este manguezal não depende de águas fluviais para ser viabilizado e sustentado, mas sim pela água doce de um aquífero existente na encosta das paleofalésias e na base da praia, composta por sedimentos clásticos da Formação Barreiras. A principal área de infiltração da água doce seria nas paleofalésias e a descarga ocorre a nível do mar, alterando a salinidade da água. O “Mangue de Pedra” está inserido na lista da UNESCO como candidato a Geoparque Mundial, devido as suas características raras. Apesar de sua importância a nível global, existe uma escassez de estudos sobre a diversidade microbiana desse local. Neste contexto, o objetivo desse estudo foi identificar molecularmente as bactérias associados a raiz e rizosfera do Manguezal de Pedra Búzios. Oito amostras foram coletadas nas árvores de mangue *Avicennia schaueriana* e *Rhizophora mangle*, além da vegetação gramínea marinha. O DNA bacteriano foi extraído com o Kit PowerSoil (Qiagen), o gene 16S rRNA foi amplificado pela PCR e após a etapa de purificação, realizado o sequenciamento nucleotídico parcial pelo método de Sanger. As espécies e gêneros bacterianos: *Lactococcus lactis*, *Arthrobacter agilis*, *Ectothiorhodospiraceae bacterium*, *Thioalkalivibrio sulfidophilus*, *Pseudogracilibacillus marinus*, *Alcanivorax sp*, *Vibrio sp.* e *Desulfovibrio sp.* foram caracterizadas. Apresentando potencial biotecnológico pela capacidade de degradação de compostos orgânicos e tolerância a ambientes salinos, esses resultados preliminares são valiosos para elucidação da diversidade bacteriana e sua interação com cada tipo de vegetação avaliado, podendo direcionar novas descobertas e aplicações futuras no Manguezal de Pedra de Búzios.

PALAVRAS-CHAVE: diversidade bacteriana, genética, Manguezal de Pedra, sequenciamento Sanger

¹ Departamento de Biotecnologia do Instituto de Estudos do Mar Almirante Paulo Moreira , talymenengat@yahoo.com.br

² Departamento de Biotecnologia do Instituto de Estudos do Mar Almirante Paulo Moreira , lorenagpm@gmail.com

³ Departamento de Biotecnologia do Instituto de Estudos do Mar Almirante Paulo Moreira , carolineguerra@gmail.com

⁴ Departamento de Biotecnologia do Instituto de Estudos do Mar Almirante Paulo Moreira , rcoutinhosa@yahoo.com