

ANÁLISE DA DIVERSIDADE BACTERIANA ASSOCIADA A UTRÍCULOS DE *UTRICULARIA GIBBA* L.

Juliana Goldbaum Crescente, Fernanda Cristina Storte Santos, Vitor Fernandes de Oliveira Miranda, Welington Luiz de Araújo

Estudante do Curso de Ciências Biológicas; e-mail: julianagc1989@hotmail.com¹

Estudante do Curso de Mestrado em Biotecnologia; e-mail: Fernanda.storte@hotmail.com²

Professor da Universidade de Mogi das Cruzes; e-mail welingtonluiz@umc.br³

Professor da Universidade de Mogi das Cruzes³

Área do conhecimento: ecologia microbiana e genética molecular

Palavra-chave: *Utricularia gibba*; genes conservados; filogenia

INTRODUÇÃO

O gênero *Utricularia* spp. é um dos mais representativos dentro das plantas carnívoras conhecidas, tendo a carnivoría uma importância para a complementação de nutrientes permitindo que estas plantas sejam encontradas em locais de grande umidade, luminosidade, e até em ambientes pobres em nutrientes. A estrutura responsável pela captura do alimento consiste em uma folha modificada, capaz de criar uma pressão hidrostática interna negativa que suga a água próxima a ela. Segundo alguns autores, após captura, a presa é degradada com o auxílio da comunidade bacteriana presente nos utrículos, porém ainda é necessário entender melhor como esta interação ocorre. Um dos passos para esta caracterização, pode ser feita através de estudos moleculares para a identificação da diversidade bacteriana através de genes conservados, destacando-se atualmente o gene RNAr 16S, um gene ribossomal amplamente utilizado em estudos com base na construção de bibliotecas de rDNA. A subunidade B da DNA girase é uma proteína codificada pelo gene conservado *gyrB*, e constitui uma parte integrante da topoisomerase II em bactérias, a qual é responsável por induzir uma menor pressão no desenrolamento da fita de DNA. Além desse 2 genes, o gene *rpoB* codifica a subunidade B da RNA polimerase, o qual é essencial para todo o metabolismo celular em bactérias.

OBJETIVOS

Isolar bactérias associadas aos utrículos de *U. gibba* e identificá-la por meio do seqüenciamento dos genes conservados RNAr 16S, *gyrB* e *porB*.

METODOLOGIA

Bactérias foram isoladas de utrículos de *U. gibba* em meio TSA 5% e identificadas por meio do seqüenciamento dos genes 16S RNAr, *gyrB* e *rpoB*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados apontam que a densidade bacteriana dos utrículos varia de 3 a 4 X 10³ UFC·U⁻¹. Foi observado também que esta comunidade bacteriana cultivável é formada principalmente por espécies pertencentes aos filos Firmicutes (*Bacillus*) (figura 1A) e proteobacteria, entre eles β-proteobacteria (*Chromobacterium* sp., *Burkholderiales Genera incertae sedis*) (figura 1B e 1C), assim como *Aquitalea* sp., α-proteobacteria (*Rhodospirillaceae*) (figura 1D) e γ-proteobacteria *Enterobacter* sp., sendo este último identificado apenas pelo seqüenciamento do gene *gyrB* e comparado em relação ao banco de dados do GenBank. Bactérias pertencentes ao gênero *Chromobacterium* apresentam coloração violeta ou azul, o que corresponde com a morfologia observada nos isolados. Esta coloração é determinada pelos pigmentos derivados do triptofano, violaceína e desoxiviolaceína, os quais ainda não se sabe ao certo o seu papel fisiológico para o organismo, embora estudos indiquem um efeito contra radiação solar e controle da concentração de triptofano no meio, além de serem biotecnologicamente interessantes para o controle de diferentes microrganismos. Tendo em vista que os grupos identificados correspondem à bactérias encontradas em amostras de solo e água de regiões tropicais e subtropicais em diversos continentes, pode ser sugerido que o ambiente deve ser a fonte primária da comunidade que habita o interior dos utrículos de *U. gibba*. Tendo em vista que foram observados isolados que não agruparam com espécies já descritas, pode ser sugerido que os utrículos desta espécie de planta carnívora poderia ser um importante habitat para a busca de novos genomas bacterianos, os quais poderiam ser importantes fontes de produtos e processos biotecnológicos. Além disso, permitia um melhor conhecimento da diversidade bacteriana presente em diferentes áreas, e do papel desempenhado no ambiente.

CONCLUSÃO Algumas das espécies identificadas no presente trabalho são comumente descritas em associação com plantas ou em amostras de água e solo, sugerindo que esta comunidade bacteriana dos utrículos de *U. gibba* pode flutuar entre a planta e a água onde a planta cresce, visto que esta espécie vive associada à corpos de água. Tendo em vista que este é a primeira descrição da comunidade bacteriana associada a *U. giba*, a atenção foi dada aos aspectos taxonômicos dos diferentes isolados obtidos, visto que novos genótipos bacterianos poderão ser descritos e no futuros caracterizados quanto ao potencial biotecnológico.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANDREOTE, F. D.; CARNEIRO, R. T.; SALLES, J. F.; MARCON, J.; LABATE, C. A.; AZEVEDO, J. L.; Araújo, W. L. **Culture-independent Assessment of Rhizobiales-related Alphaproteobacteria and the Diversity of *Methylobacterium* in the Rhizosphere and Rhizoplane of Transgenic Eucalyptus.** *Microbial Ecology*, v. 57, n. 1, p. 82-93, 2008.

KLOEPFER, J. W.; RYU C.; ZHANG S. **Induced Systemic Resistance and Promotion**

of Plant Growth by *Bacillus* spp. *American Phytopathological Society Journals*. v. 94, n.11, p. 1-8, 2004.

PEROUTKA, M.; ADLASSNIG, W.; VOLGGER, M.; LENDL, T.; URL, W. G.; LCHTSCHIEDL, Irene K. ***Utricularia*: a vegetarian carnivorous plant? Algae as prey of bladderwort in oligotrophic bogs.** *Plant Ecology*, v. 199, n. 2, p. 153–162, 2008a.

PEROUTKA, M.; ADLASSNIG, W.; LEND, T.; PRAJIC, K.; LICHSCHEID, I. K. **Floriculture, Ornamental and Plant Biotechnology.** *Functional Biology of Carnivorous Plants*, v. 5, p. 563, 2008b.

PITLOVANCIV, A. K.; CARIS, M. E.; PORTO, L. M.; PEDROSA, R. C.; ANTONIO, R. V. **Condições de cultivo e produção de pigmentos por *Chromobacterium violaceum*.** *Revista Biotemas*, n. 19, v.1, p. 13-18, 2006.

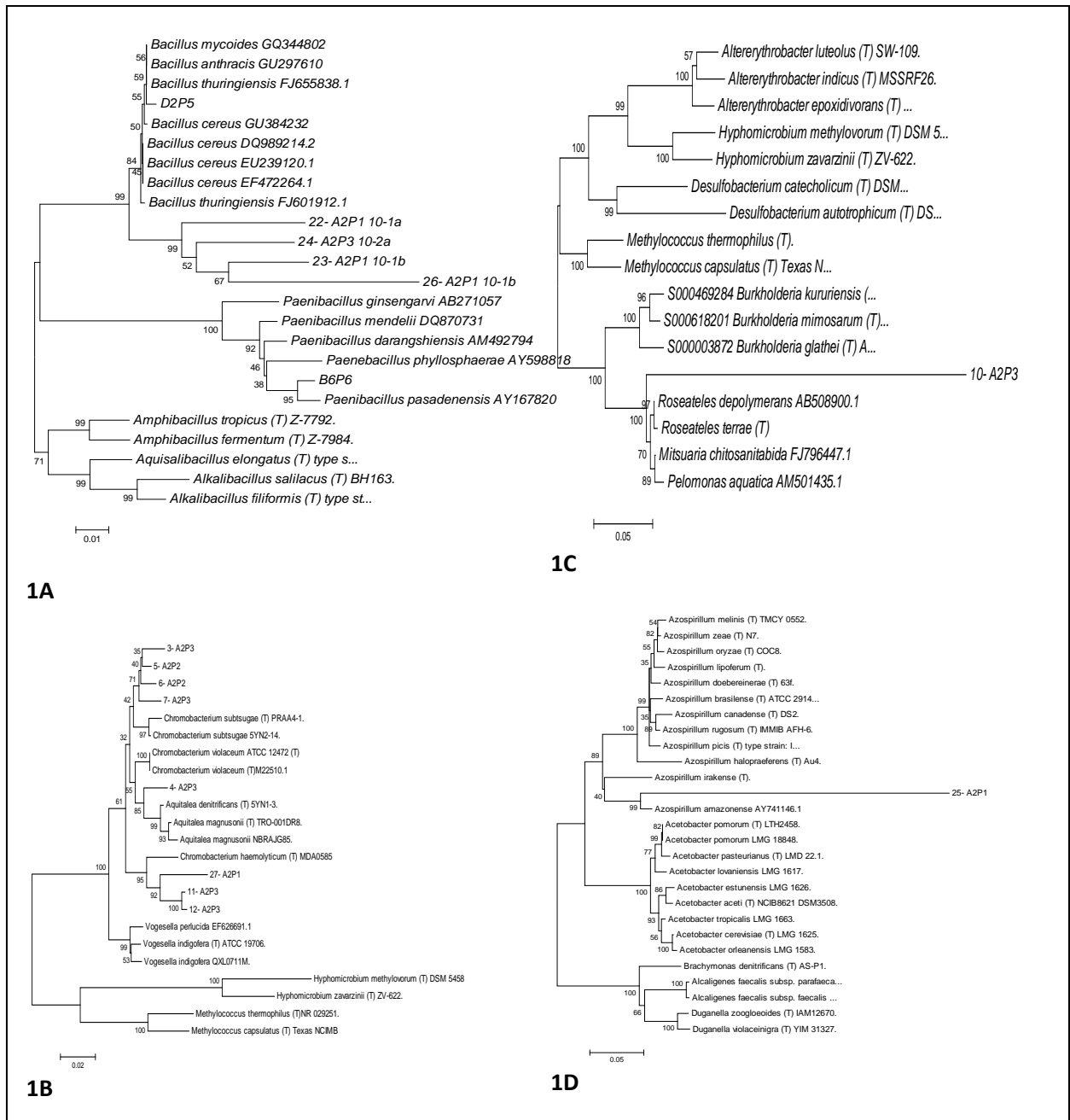


Figura: **1A**. Árvore fenética gerada pela análise do fragmento parcial (980-1400) do gene 16S rRNA de bactérias isoladas em associação com utrículos de *U. gibba*, em relação ao Filo Firmicutes. **1B**. Árvore fenética gerada pela análise do fragmento parcial (980-1400) do gene 16S rRNA de bactérias isoladas em associação com utrículos de *U. gibba*, em relação agrupamento com os gêneros *Chromobacterium*/ *Iodobacter*/ *Vogesella*. **1C**. Árvore fenética gerada pela análise do fragmento parcial (980-1400) do gene 16S rRNA de bactérias isoladas em associação com utrículos de *U. gibba*, em relação agrupamento com os gêneros *Roseatales*/ *Mitsuaria*/ *Pelomonas*. **1D** Árvore fenética gerada pela análise do fragmento parcial (980-1400) do gene 16S rRNA de bactérias isoladas em associação com utrículos de *U. gibba*, em relação agrupamento com o gênero *Azospirillum*.