



Dados metabólicos e fisiológicos como ferramentas na classificação e agrupamento de cianobactérias

Sandy Bastos Martins¹ (sandy.martins@ufv.br), Wagner Luiz Araújo¹ (wlaraujo@ufv.br), Allan Victor Martins Almeida¹ (allanvma@gmail.com), Jean Coutinho Oder¹ (jean.oder@ufv.br), Pedro Augusto Marazzo de Sousa¹ (pedro.marazzo@ufv.br), Marcelo Gomes Marçal Vieira Vaz¹ (marcelogmvvaz@gmail.com)

¹Laboratório de Ficologia e Biologia Molecular, Unidade de Crescimento de Plantas, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil

Palavras-chave: Desmonostoc; filogenia; abordagem polifásica

Categoria do trabalho: Pesquisa. Área de conhecimento: Ciências Biológicas e da Saúde. Área temática: Microbiologia

INTRODUÇÃO

A classificação de cianobactérias foi, por muito tempo, baseada apenas em características morfológicas. Não obstante, o uso recente da filogenia molecular tem contribuído significativamente para uma melhor resolução taxonômica e sistemática de seus representantes. Abordagens polifásicas aplicadas em linhagens morfológicamente identificadas como *Nostoc* spp. indicaram uma origem polifilética deste gênero. Em consequência, novos gêneros têm sido descritos a partir de morfotipos relacionados à *Nostoc*, dentre os quais se destaca *Desmonostoc*. Todavia, poucos estudos filogenéticos e de caracterização morfofisiológica de linhagens existem dentro do gênero *Desmonostoc*.

OBJETIVOS

O presente estudo investigou a diversidade de linhagens de *Desmonostoc* disponíveis na Coleção de Cianobactérias e Microalgas da Universidade Federal de Viçosa (CCM-UFV), baseando-se em características morfológicas, filogenéticas, metabólicas e fisiológicas.

MATERIAL E MÉTODOS

- Dezenove linhagens da Coleção de Cianobactérias e Microalgas da Universidade Federal de Viçosa (CCM-UFV), pertencentes ao gênero *Desmonostoc*, foram selecionadas e caracterizadas.

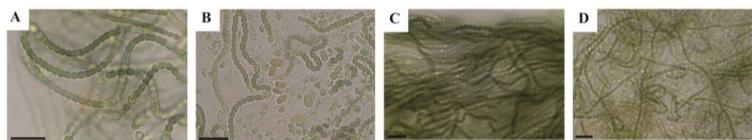


Figura 1. Aspectos do crescimento de vegetativo da linhagem *Desmonostoc salinum* CCM-UFV059. Em A, C e D: predominância de filamentos vegetativos. Em B: presença de acinetos.

- Extração de DNA, amplificação do gene 16S rRNA por PCR, transformação, seleção de clones positivos, extração do DNA plasmidial e sequenciamento.

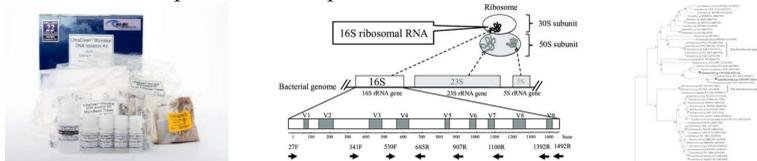


Figura 2. Fluxograma esquemática das etapas moleculares: extração de DNA total, amplificação do rRNA 16S e visualização de uma árvore filogenética.

- Para a determinação dos parâmetros cinéticos, metabólicos (glicogênio, ficobiliproteínas, clorofilas) e fisiológicos (fotossíntese e respiração), o crescimento das linhagens foi avaliado em meio padrão (BG-11₀), ao longo de 14 dias, por meio de coletas diárias de biomassa (n = 4).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

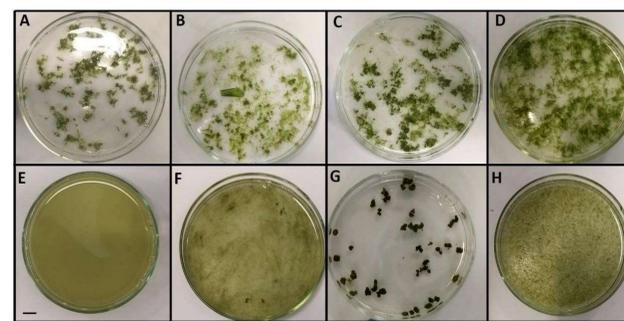


Figura 3. Aspectos macroscópicos característicos das linhagens de *Desmonostoc* selecionadas para análises metabólicas. Diferentes padrões de agregamento são observados, os quais corroboram com a divisão filogenética e com o gráfico da Análise de Componentes Principais (Figura 4). A: CCM-UFV003; B: CCM-UFV012; C: CCM-UFV020; D: CCM-UFV059; E: CCM-UFV018; F: CCM-UFV054; G: CCM-UFV069; H: CCM-UFV070.

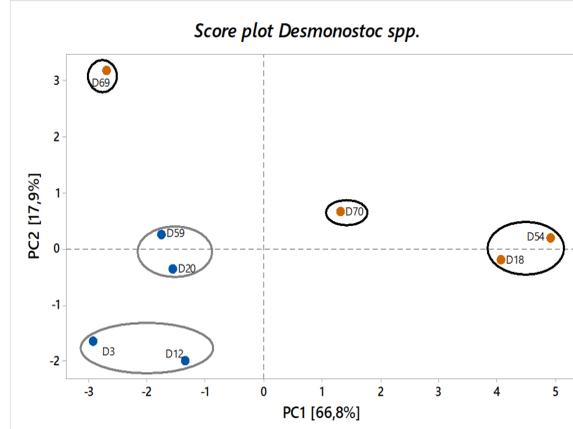
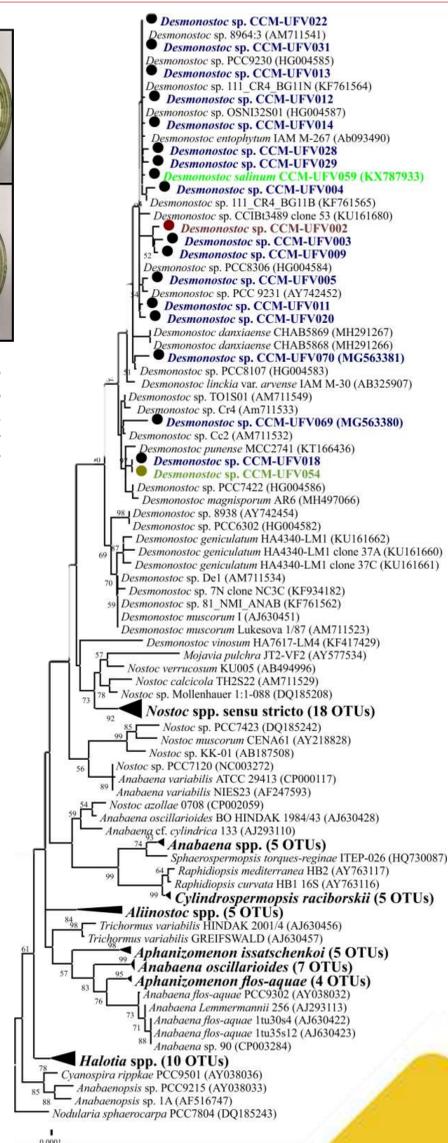


Figura 4. A análise de componentes principais, considerando dados metabólicos, fisiológicos e morfométricos, apresentou um padrão de agrupamento similar ao observado na reconstrução filogenética.

Figura 5. Reconstrução filogenética, baseada em sequências do gene rRNA 16S. As sequências geradas neste estudo estão ressaltadas em cores. O cluster típico do gênero *Desmonostoc* está subdividido em dois subgrupos, D1 e D2. As 19 linhagens analisadas neste trabalho agruparam-se em D1.



CONCLUSÕES

Embora pouco usuais, aspectos metabólicos e fisiológicos foram eficientes na caracterização e no agrupamento de linhagens do gênero *Desmonostoc*. Salienta-se, ainda, que os resultados obtidos fornecem informações acerca da diversidade deste gênero, ainda pouco estudado, revelando sua característica cosmopolita. Por fim, linhagens do gênero *Desmonostoc* apresentam grande diversidade metabólica, o que sugere potenciais aplicações biotecnológicas.

AGRADECIMENTOS

