

MARIANA SERWY OORTMAN

COMPOSIÇÃO E ABUNDÂNCIA DA COMUNIDADE BACTERIANA DA BAÍA BABITONGA  
– SC – BRASIL

JOINVILLE  
2019

MARIANA SERWY OORTMAN

COMPOSIÇÃO E ABUNDÂNCIA DA COMUNIDADE BACTERIANA DA BAÍA BABITONGA  
– SC – BRASIL

Tese apresentada como requisito para obtenção do título de doutora em Saúde e Meio Ambiente, na Universidade da Região de Joinville. Orientadora: Dra. Regina Maria Miranda Gern. Coorientador: Dr. Armando Cavalcante Franco Dias.

JOINVILLE  
2019

Catálogo na publicação pela Biblioteca Universitária da Univille

O59c Oortman, Mariana Serwy  
Composição e abundância da comunidade bacteriana da Baía da Babitonga -  
SC - Brasil / Mariana Serwy Oortman; orientadora Dra. Regina Maria Miranda Gern,  
coorientador Dr. Armando Cavalcante Franco Dias. – Joinville: UNIVILLE, 2019.

71 p.: il. ; 30 cm

Tese (Doutorado em Saúde e Meio Ambiente – Universidade da Região de  
Joinville)

1. Biologia do solo. 2. Metagenômica. 3. Áreas alagadas. 4. Babitonga, Baía  
de (SC). I. Gern, Regina Maria Miranda (orient.). II. Dias, Armando Cavalcante  
Franco (coorient.) III. Título.

CDD 613.1

Elaborada por Christiane de Viveiros Cardozo – CRB-14/778

## Termo de Aprovação

“Composição e Abundância da Comunidade Bacteriana da Baía Babitonga - SC - Brasil”

por

Mariana Serwy Oortman

Tese julgada para a obtenção do título de Doutora em Saúde e Meio Ambiente, área de concentração Saúde e Meio Ambiente e aprovada em sua forma final pelo Programa de Pós-Graduação em Saúde e Meio Ambiente.



Prof. Dra. Regina Maria Miranda Gern  
Orientadora (UNIVILLE)

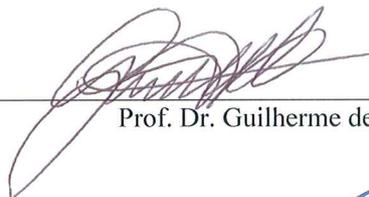


Prof. Dr. Paulo Henrique Condeixa de França  
Coordenador do Programa de Pós-Graduação em Saúde e Meio Ambiente

### Banca Examinadora:



Prof. Dra. Regina Maria Miranda Gern  
Orientadora (UNIVILLE)



Prof. Dr. Guilherme de Toledo e Silva  
(UFSC)



Prof. Dr. Rodrigo Gouvêa Taketani  
(ESALQ)



Prof. Dr. Luciano Lorenzi  
(UNIVILLE)

Joinville, 28 de novembro de 2019

## AGRADECIMENTOS

À minha orientadora, Dra. Regina Maria Miranda Gern, por todo o apoio para a execução desta tese e por todo o auxílio e compreensão à maior novidade da minha vida que calhou acontecer durante meu doutorado: a maternidade.

Ao meu co-orientador, Dr. Armando Cavalcante Franco Dias, e sua querida esposa, Dra. Simone Cotta, por todo o apoio nas análises laboratoriais, estatística e na escrita desta tese. Sem vocês eu não chegaria ao final desta etapa da minha vida! Obrigada pela confiança!

Agradeço imensamente ao Dr. Fernando Dini Andreote e à equipe do laboratório de microbiologia de solo da ESALQ/USP por permitir e dar todo o apoio necessário para a realização das análises laboratoriais necessárias para o desenvolvimento desta tese.

À Cláudia Hack, Aline Scheller e Bianca Pismel por todo o auxílio na realização das análises dos HPAs e de sedimentos. Vocês são incríveis!

Ao Dr. Luciano Lorenzi e à Dra. Ana Paula Christoff por todas as valiosas contribuições na qualificação de minha tese.

Aos meus queridos colegas da turma II de Doutorado em Saúde e Meio Ambiente pelas discussões acadêmicas e não-acadêmicas.

A todos os professores participantes e convidados do Programa em Saúde e Meio Ambiente pelas excelentes aulas e por compartilhar conhecimento com tanto amor e dedicação.

À Patrícia Pilz por toda a eficiência e prontidão no auxílio em todos os momentos burocráticos necessários ao longo de toda esta jornada do doutorado.

À amiga-irmã Érica Becker por toda a ajuda nas coletas das amostras desta tese e pela amizade de sempre e para sempre. Te amo, amiga.

Aos meus pais por todo o amor, apoio e confiança em mim frente às minhas decisões, durante toda a minha vida. Amo vocês.

A meu companheiro, Thiago MacCarini, por estar comigo e me dar todo o suporte nos momentos bons e ruins da vida acadêmica e da vida em família. Amo você.

Ao meu filho, Daniel, por me dar a oportunidade de ser sua mãe e uma pessoa melhor. Obrigada por ser essa pequena pessoa tão cheia de curiosidade, inteligência, amor e vida que me encanta e me desconstrói a cada dia que passa. Te amo infinitamente e para sempre, filho.

*Well, I've been 'fraid of changin'  
'Cause I've built my life around you  
But time makes you bolder  
Even children get older  
And I'm gettin' older, too"*

Canção *Landslide*, Fleetwood Mac

## RESUMO

Os manguezais são ecossistemas de extrema importância ecológica e econômica para a humanidade e têm sido eleitos como uns dos principais biomas responsáveis pelo sequestro de carbono do planeta. No sul do Brasil, a Baía Babitonga abriga a maior parte das florestas de manguezal de Santa Catarina (75%) e sofre com inúmeras atividades de degradação, sendo as principais: a ocupação e supressão ilegal da vegetação, o despejo direto de esgoto doméstico (Praia do Lixo), a presença e expansão de portos no estuário (Porto) e o tráfego intenso de embarcações (Iperoba). Neste contexto, este trabalho teve como objetivo avaliar atividades enzimáticas indicadoras de qualidade do solo e também a abundância e diversidade da comunidade bacteriana dos sedimentos de três pontos sob diferentes influências antrópicas do manguezal da Baía Babitonga. As análises das enzimas evidenciaram uma maior atividade para Betaglicosidase na praia do Lixo, arissulfatase teve aumento na área do porto e desidrogenase e fosfatase ácida se mantiveram constantes nos pontos avaliados. A concentração dos hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPAs) apresentou valores maiores na região do Iperoba, para praticamente todos os que foram analisados. Já para a quantificação das bactérias, o Iperoba registrou os menores valores em ambas as datas de coleta e uma maior tendência na abundância de bactérias da Praia do Lixo. O sequenciamento massivo via plataforma Illumina no nível taxonômico de filo apontou os grupos de Proteobacteria, Bacteroidetes, Chloroflexi, Actinobacteria e Acidobacteria como os mais abundantes. As classes Deltaproteobacteria, Gammaproteobacteria e Alphaproteobacteria foram as mais evidenciadas como já descrito na literatura. Vale ressaltar que as análises de Betadiversidade bem como as inferências de riqueza (chao) e diversidade (shannon) foram significativamente diferentes entre os pontos amostrados. De maneira geral, este estudo fornece indícios sobre a abundância e taxonomia microbiana nos distintos pontos estudados, e indica que os grupos encontrados são endêmicos em relação a perturbação antrópica e bastante similares aos encontrados a outros ecossistemas de manguezais.

Palavras-chave: metagenômica, manguezal, Baía Babitonga

## ABSTRACT

Mangroves are ecosystems of great ecological and economic importance for mankind and these forests are one of the main biomes responsible for carbon sequestration throughout the world. In southern Brazil, Babitonga Bay is home to 75% of the mangrove forests from Santa Catarina state and suffers from numerous degradation activities, such as: illegal occupation and suppression of vegetation, direct dumping of domestic sewage (Praia do Lixo), the presence and expansion of ports in the estuary (Porto) and the intense traffic of vessels (Iperoba). In this context, the main goal of this work was to evaluate enzymatic activities as indicative of soil quality as well as the abundance and diversity of the bacterial community from three areas under distinct anthropogenic influence from Babitonga Bay's mangrove. The enzymatic analyses showed a greater activity for Betaglicosidase in Praia do Lixo's point, while arisulfatase increased in the Port mangrove and dehydrogenase and acid phosphatase remained constant in the assessed points. The concentration of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) showed higher values in the Iperoba region for practically all those analysed. As for the quantification of bacteria, Iperoba recorded the lowest values in both sampling dates and a tendency to have a greater abundance in Praia do Lixo. Massive sequencing by the Illumina platform at the taxonomic level of phylum indicated the groups of Proteobacteria, Bacteroidetes, Chloroflexi, Actinobacteria and Acidobacteria as the most abundant. The classes Deltaproteobacteria, Gammaproteobacteria and Alphaproteobacteria were the most evidenced as already described in the literature. It is worth mentioning that the Betadiversity analyzes as well as the inferences of species richness (chao) and diversity (shannon) were significantly different among the points sampled. In general, this study provides indications about the abundance and microbial taxonomy for Babitonga Bay mangrove and indicates that the groups found are endemic to anthropic disturbance and very similar to those found in other mangrove ecosystems.

Key words: metagenomic, mangrove, Babitonga Bay

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1</b> - Mapa da Baía Babitonga, com os locais selecionados para amostragem.....	25
<b>Figura 2</b> - Imagens dos locais de coleta de amostras de sedimento no manguezal da Baía Babitonga. A e B: Área da Praia do Lixo; C e D: Área do Porto; E e F: Área do Saco do Iperoba .....	26
<b>Figura 3</b> - Histograma representando a média dos tamanhos de grãos para cada estação de coleta do manguezal da Baía Babitonga.....	32
<b>Figura 4</b> - Histograma representando o grau de seleção de grãos para cada estação de coleta do manguezal da Baía Babitonga.....	33
<b>Figura 5</b> - Histograma representando o grau de assimetria de grãos para cada estação de coleta do manguezal da Baía Babitonga.....	33
<b>Figura 6</b> - Histograma representando o grau de curtose de grãos para cada estação de coleta do manguezal da Baía Babitonga.....	34
<b>Figura 7</b> - Histograma dos valores das médias porcentagem de a) Matéria Orgânica e b) Carbonato de Cálcio (CaCO <sub>3</sub> ) registrados para as estações de coleta do manguezal da Baía Babitonga.....	34
<b>Figura 8</b> - Representação gráfica da análise de componentes principais (PCA) das variáveis dos sedimentos encontrados nas amostras.....	36
<b>Figura 9</b> - Representação gráfica da análise de componentes principais (PCA) dos HPAs encontrados nas amostras.....	37
<b>Figura 10</b> - Representação gráfica das médias em log de cópias do gene 16S por grama de sedimento.....	38
<b>Figura 11</b> - Representação gráfica de análise de Beta-diversidade para as classes de bactérias encontradas nas estações amostradas.....	40
<b>Figura 12</b> - Representação gráfica dos índices de diversidade Shannon para as classes encontradas nas amostras.....	41
<b>Figura 13</b> - Representação gráfica dos índices de diversidade Chao para as classes encontradas nas amostras.....	41
<b>Figura 14</b> - Representação gráfica da análise de componentes principais (PCA) dos filos encontrados nas amostras.....	42
<b>Figura 15</b> - Representação gráfica da análise de componentes principais (PCA) das classes encontradas nas amostras.....	43

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1</b> - Principais íons dos compostos detectados no Detector de Massas.....	29
<b>Tabela 2</b> - Listagem das enzimas avaliadas neste estudo e seus respectivos substratos.....	29
<b>Tabela 3</b> - Valores médios e desvios-padrão dos dados físico-químicos do sedimento nas estações de coleta do manguezal da Baía Babitonga.....	32
<b>Tabela 4</b> - Valores médios (ug/kg) e desvio-padrão dos HPAs analisados e respectivos resultados da análise de Kruskal-Wallis.....	35
<b>Tabela 5</b> - Resultados da Análise de Variância para a atividade enzimática nas estações de coleta.....	37
<b>Tabela 6</b> - Valores de abundância relativa de bactérias calculada para filós de cada ponto amostrado (I -Iperoba; P – Porto; L – Praia do Lixo).....	39
<b>Tabela 7</b> - Valores de abundância relativa de bactérias calculada para classes de cada ponto amostrado (I -Iperoba; P – Porto; L – Praia do Lixo).....	39
<b>Tabela 8</b> - Resultados do Teste de Mantel para a comparação de matrizes de similaridade de Bray-Curtis para HPA, Sedimento, Filo e Classe.....	43
<b>Tabela 9</b> - Valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as variáveis de valores de abundância de filós e concentração de HPAs das amostras.....	45
<b>Tabela 10</b> - Valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as variáveis de valores de abundância de classe e concentração de HPAs das amostras.....	46
<b>Tabela 11</b> - Valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as variáveis de valores de abundância de filós e análises de sedimentos das amostras.....	47
<b>Tabela 12</b> - Valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as variáveis de valores de abundância de classes e análises de sedimentos das amostras.....	48

## SUMÁRIO

RESUMO

ABSTRACT

LISTA DE FIGURAS

LISTA DE TABELAS

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	11
<b>2 INTERDISCIPLINARIDADE</b> .....	13
<b>3 OBJETIVOS</b> .....	14
3.1. OBJETIVO GERAL.....	14
3.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	14
<b>4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	15
4.1. MANGUEZAIS.....	15
4.2. CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS DE SEDIMENTOS DE MANGUEZAL.....	16
4.3. CONTAMINANTES EM MANGUEZAL – OS HPAS.....	16
4.4. DIVERSIDADE BACTERIANA EM MANGUEZAIS.....	17
4.5. ATIVIDADE DE ENZIMAS COMO INDICADOR AMBIENTAL.....	20
4.6. A BAÍA BABITONGA.....	22
<b>5 MATERIAL E MÉTODO</b> .....	25
5.1. COLETA DE AMOSTRAS.....	25
5.2. EXTRAÇÃO DE DNA DAS AMOSTRAS DO SEDIMENTO.....	27
5.3. PREPARO DA BIBLIOTECA DE SEQUENCIAMENTO.....	27
5.4. ANÁLISES FÍSICO-QUÍMICAS DO SEDIMENTO.....	28
5.4.1. PORCENTAGEM DE MATÉRIA ORGÂNICA, CARBONATO DE CÁLCIO E GRANULOMETRIA.....	28
5.4.2. DETERMINAÇÃO DA CONCENTRAÇÃO DE HPAS.....	28
5.5. DETERMINAÇÃO DA ATIVIDADE DAS ENZIMAS ASSOCIADAS AOS CARBONO, ENXOFRE, FÓSFORO E NITROGÊNIO.....	29
5.6. ANÁLISES ESTATÍSTICAS DOS DADOS.....	30
<b>6 RESULTADOS</b> .....	32
<b>7 DISCUSSÃO</b> .....	49
<b>8 CONCLUSÃO</b> .....	55
<b>9 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	56

## 1 INTRODUÇÃO

As florestas de mangue servem como parte vital para a estabilidade e a saúde de muitos ambientes costeiros (VANNUCCI, 2001). Essas florestas são a transição do mar para a terra e, dentro de suas inúmeras funções, são proteção natural ao longo da costa e um ecossistema vital para a sobrevivência e reprodução de mamíferos, aves, peixes e vegetação (FAO, 2007; SANDILYAN; KATHIRESAN, 2015). Assim como outros ecossistemas florestais, os manguezais estão desaparecendo cerca de 2% ao ano (ALONGI, 2002; SPALDING, 2010). Estes ecossistemas são áreas de acúmulo de poluentes devido às características típicas de seus sedimentos anaeróbicos, compostos essencialmente por grãos finos e ricos em matéria orgânica (TAM; WONG, 2000). Esta característica associada ao crescimento constante dos processos de urbanização nas áreas costeiras afeta diretamente os manguezais (LEE et al., 2006). A retenção e acúmulo de hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPAs), excesso de matéria orgânica e outros poluentes altera as características de seus sedimentos e criam um ambiente bioquímico específico que pode induzir mudanças no funcionamento do ecossistema (CHAKRABORTY et al., 2015; FELLER et al., 2010; MEZIANE; TSUCHIYA, 2000; SCHIMEL; BALSER; WALLENSTEIN, 2007).

A comunidade microbiana é um componente chave para a manutenção do funcionamento dos ecossistemas, principalmente manguezais (ALONGI, 2005). As bactérias ocupam uma ampla variedade de nichos e são essenciais para processos químicos, como fixação de nitrogênio, fotossíntese e decomposição (IMCHEN; KUMAVATH; BARH; AVEZEDO; et al., 2017; JESSUP et al., 2004). Estudos moleculares indicam que até 1 milhão de espécies bacterianas e de arqueias estão presentes em 10 g de solo (ALONGI, 1990). Esta diversidade em pequenas escalas é um dos desafios da ecologia microbiana em determinar os fatores que moldam as comunidades microbianas do solo, sua resposta às mudanças ambientais e suas interações físico-químicas e biológicas (ALONGI, 2009; BALTAR et al., 2015). De maneira geral, a comunidade bacteriana é afetada diretamente por alterações na concentração de matéria orgânica (COLARES; MELO, 2013; MAHMOUDI et al., 2017) e pelo grau de antropização de seu entorno respondendo a contaminações por derrame de óleo (DOS SANTOS et al., 2011; TIRALERPANICH et al., 2018), metais pesados (DE LA ROSA- ACOSTA et al., 2015), desmatamento (HOLGUIN; VAZQUEZ; BASHAN, 2001), entre outros. Naturalmente, em escala local, os microhabitats dentro do próprio ecossistema do manguezal, registram uma microbiota diversa e distinta entre si (ROCHA et al., 2016). Quando comparadas em

escalas regional e global, a tendência é que estas comunidades sejam compostas por grupos taxonômicos semelhantes entre si (IMCHEN; KUMAVATH; BARH; AZEVEDO et al., 2017; TAKETANI et al., 2018). A principal resposta da comunidade microbiana frente às alterações antrópicas se dá por uma alteração na composição dos táxons dominantes, porém com uma manutenção das funções microbianas (redundância funcional), quando comparados a ambientes não impactados (CABRAL et al., 2018; COTTA et al., 2019; FERNANDES et al., 2014). Diante destes resultados, ainda são necessários mais estudos em escala local e, posteriormente, global para se compreender a influência de fatores naturais e das mudanças ambientais em uma comunidade microbiana e sua contribuição para a biogeoquímica dos solos de manguezais (PROSSER, 2015).

Sendo assim, os manguezais compõem um bioma com características distintas de outros ecossistemas, o que confere a este ambiente uma biota composta por espécies e condições adaptativas altamente especializadas. A hipótese deste trabalho pressupõe que a tendência da comunidade microbiana observada nos bosques de manguezais do Brasil e outros países também ocorrerá no manguezal da Baía Babitonga, Santa Catarina. Sabe-se que diferentes locais e condições específicas podem sugerir algum tipo de endemismo e grupos distintos responsáveis pelos processos envolvidos na ciclagem dos nutrientes e funcionamento do ecossistema. Com amostras de três áreas do manguezal da Baía Babitonga, espera-se registrar um aumento nos valores de descritores de diversidade local (alfa diversidade), acompanhado de valores de diversidade funcional semelhantes (redundância funcional).

## **2 INTERDISCIPLINARIDADE**

Os micro-organismos são extremamente importantes para o equilíbrio ambiental, uma vez que participam de processos ecológicos tais como a fotossíntese oxigênica, a ciclagem de nutrientes por meio da formação e decomposição da matéria orgânica, dos ciclos biogeoquímicos e da manutenção da fertilidade dos solos. Em manguezais, a microbiota mostra padrões diferenciados, podendo depender da localização geográfica do bosque, suas características naturais, intensidade e tipo de ação antrópica e até presença de espécies invasoras. Por depender de características específicas, a descrição da composição, distribuição e ecologia da microbiota é de extrema importância para a conservação de manguezais. Um desequilíbrio na microbiota pode causar sérios transtornos à saúde humana, como por exemplo a proliferação de microrganismos patogênicos. Além disso, a prospecção da diversidade microbiana em ambientes de manguezal, potencializa as chances de sucesso na busca por novas moléculas bioativas. Com isso, conhecimento das habilidades e potenciais bioquímicos, fisiológicos e estruturais da microbiota permite o aprofundamento de estudos na área farmacêutica, de saúde e biorremediação, visto seu potencial biodegradativo para componentes petroquímicos.

### **3 OBJETIVOS**

#### **3.1. Objetivo Geral**

Avaliar a abundância e diversidade da comunidade bacteriana dos sedimentos de três pontos sob diferentes influências antrópicas do manguezal da Baía Babitonga.

#### **3.2. Objetivos específicos**

- Descrever as características físico-químicas e detectar a presença de HPAs nos sedimentos de manguezais amostrados
- Avaliar os indicadores ambientais por meio da atividade de enzimas (Arilsufatase,  $\beta$ -glicosidase, Fosfatase Ácida e Desidrogenase) associadas ao ciclo do Carbono, Enxofre, Fósforo e Nitrogênio;
- Identificar e quantificar os microrganismos encontrados nas amostras de manguezais por PCR quantitativo e sequenciamento de nova geração.

## 4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 4.1 Manguezais

O manguezal é um ecossistema de transição entre o ambiente marinho e terrestre e necessita de condições específicas para sua existência (SCHAEFFER-NOVELLI et al., 1990). As florestas de mangue ocorrem em sedimentos lodosos de zonas estuarinas e são compostas por espécies vegetais altamente adaptadas à imersão e exposição periódica a marés altas, flutuações de salinidade e baixas concentrações de oxigênio (CINTRÓN-MOLERO; SCHAEFFER-NOVELLI, 1984; JIMENEZ; LUGO; CINTRÓN-MOLERO, 1985; ROVAI et al., 2012). No Brasil, as florestas de manguezal atingem seu desenvolvimento máximo na região Norte e Nordeste (ALONGI, 2008; SANDILYAN; KATHIRESAN, 2015), enquanto a região Sul é o limite austral de ocorrência deste ecossistema devido suas baixas médias de temperatura e pequena amplitude térmica (CHAVES; BOUCHEREAU, 2000; LUTHER; GREENBERG, 2009). A costa do Brasil concentra a terceira maior área de manguezal do mundo e responde por metade do total de áreas deste ecossistema para a América do Sul, cobrindo cerca de 1.400.000 ha de sua costa (ALONGI, 2014). Dentro dos bens e serviços fornecidos pelos manguezais, pode-se destacar a proteção a impactos físicos nas zonas costeiras (ALONGI, 2015; MMA, 2010), área de reprodução de organismos marinhos (FAO, 2007), manutenção da pesca e sustento de comunidades ribeirinhas (BEZERRA, 2008; DA NÓBREGA ALVES; NISHIDA, 2003; SEVERINO-RODRIGUES; PITA; GRAÇA-LOPES, 2001), além de serem eficientes sumidouros de carbono (KJERFVE; LACERDA, 1993). Por mais que seja um ecossistema naturalmente resiliente, o manguezal tem sofrido impactos permanentes decorrentes da ação humana (CAVALCANTE et al., 2009; GODOY; DE LACERDA, 2015). O rápido crescimento urbano e industrial, atividades de aquicultura e extração de recursos madeireiros são alguns dos principais fatores que tornam o ecossistema de manguezal um dos mais degradados nas zonas costeiras tropicais (HARITASH; KAUSHIK, 2009). No Brasil, é estimado que cerca de 50.000 ha foram perdidos nos últimos 25 anos (FERREIRA; LACERDA, 2016) e a tendência é que estas estimativas aumentem (ROVAI et al., 2012). Apenas na região do nordeste brasileiro a área de manguezal diminuiu cerca de 26% como resultado da atividade de cultivo de camarões (QUEIROZ et al., 2013). Em áreas portuárias, estes ecossistemas estão constantemente sob risco iminente de poluição aguda causada por acidentes com embarcações e sofrem com a poluição crônica advinda de derrames constantes de petróleo ou combustível (MACIEL-SOUZA et al., 2006).

## **4.2 Características físico-químicas de sedimentos de manguezal**

Os sedimentos de manguezal são caracterizados pela combinação de vários fatores físicos, químicos e biológicos, que podem variar consideravelmente entre os diferentes locais que ocorrem (FERREIRA et al., 2007; OTERO; MACIAS, 2002; SHERMAN; FAHEY; HOWARTH, 1998). São essencialmente aluviais, sendo transportados e depositados nos bosques de manguezal pela ação de rios e mar. A composição dos sedimentos é areia, silte e argila em diferentes combinações, dependendo principalmente da hidrodinâmica e estrutura do manguezal. As florestas de mangue são geralmente ambientes fechados e protegidos, com águas de baixa energia o que é favorável à sedimentação de partículas de argila (FURUKAWA; WOLANSKI; MUELLER, 1997; KATHIRESAN, 2003); no entanto, solos contendo partículas de areia mais grossa também foram relatados (CLOUGH, 1992). O estudo de Ferreira e colaboradores (2010) em um manguezal no sudeste do Brasil, aponta que partículas de areia foram dominantes sobre as partículas de argila e silte, exceto em camadas mais profundas das amostras, nas quais a argila era a fração de tamanho dominante. A mineralogia da argila, teor de carbono orgânico total e oxigenação são algumas das características que variam significativamente em diferentes profundidades de amostragem (SIVASOTHI; NG, 2002). A camada superficial se forma livremente e pode ter uma textura mais arenosa, apresentando tons mais claros e textura mais porosa, o que facilita a percolação e a aeração da água durante a maré baixa, mas com altas concentrações de matéria orgânica (HOSSAIN; NURUDDIN, 2016). O estrato abaixo da superfície corresponde a sedimentos constantemente alagados e pouco aerados. Os sedimentos de característica lodosa, típicos destes ecossistemas, apresentam um odor forte devido à presença de sulfeto de hidrogênio resultante da presença e ação de bactérias anaeróbias redutoras de enxofre, organismos abundantes em condições de anoxia (SIVASOTHI; NG, 2002). O acúmulo e a degradação de compostos tóxicos (KE et al., 2002) e a mobilização e disponibilidade de oligoelementos também influenciam significativamente os sedimentos e a composição dos bosques de manguezais (MACHADO et al., 2004)

## **4.3 Contaminantes em manguezal – os HPAs**

Uma das maiores preocupações atualmente é a contaminação dos manguezais por hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPAs) (DAT; CHANG, 2017; ALMEIDA et al., 2018; ANDRADE et al., 2010). Estes compostos são extremamente recalcitrantes, tóxicos, carcinogênicos e apresentam alta mutageneidade (MUMTAZ et al., 1995). As fontes

destes contaminantes podem ser naturais como erupções vulcânicas (UMAR MAIGARI; UMAR MAIGARI, 2015) e incêndios espontâneos (JIA; BATTERMAN, 2010), ou provenientes de atividades humanas como resultado da combustão incompleta de combustíveis fósseis, derramamento de óleo e queimadas (SCHMIDT et al., 2015). Devido aos diversos arranjos que as moléculas e os anéis aromáticos dos HPAs podem tomar, estima-se que existam mais de 100 tipos destes compostos (IUPAC). No entanto, para estudos de impacto aos ecossistemas a Agência Nacional de Proteção Ambiental dos Estados Unidos (USEPA), referência para estudos deste gênero, recomenda considerar somente 16, por sua importância industrial, ambiental e toxicológica (SCHMIDT et al., 2015). Os HPAs não são sintetizados artificialmente para uso industrial, porém há registros de alguns deles com utilidade comercial. Em geral são utilizados em indústria farmacêutica, na produção de plásticos e compostos da indústria química (ABDEL-SHAFY; MANSOUR, 2016). Apesar de serem os principais poluentes do ar, é majoritariamente nos solos que estes compostos são depositados (MUMTAZ et al., 1995). Os solos de manguezais concentram grandes quantidades de HPAs em comparação a outros ecossistemas marinhos (BAYEN, 2012; LEWIS; PRYOR; WILKING, 2011). O contato inicial das comunidades microbianas de manguezais com estes contaminantes altera drasticamente sua composição, favorecendo grupos degradadores de moléculas de alto peso molecular (LI et al., 2015; MACIEL-SOUZA et al., 2006; ZHOU, H. W. et al., 2009). Na porção vegetal destes ecossistemas, os HPAs causam desorganização das células meristemáticas e do tecido condutor das raízes, e ainda alteram organelas críticas, como núcleos, cloroplastos e mitocôndrias, responsáveis pela vitalidade celular e pela transformação de energia (NAIDOO; NAIDOO, 2016). Por serem extremamente lipofílicos, estes contaminantes tendem a bioacumular em organismos de níveis tróficos superiores como caraquejos-uçá (NUDI et al., 2007) e inibir e interferir no equilíbrio da produção de enzimas envolvidas na defesa antioxidante de ostras de mangue (RAMDINE et al., 2012). No Brasil, os bosques de manguezal sofrem especialmente em áreas urbanizadas ou portuárias, onde há descarga de efluentes domésticos e industriais e passagem constante de embarcações (CAVALCANTE et al., 2009; MARTINS et al., 2011).

#### 4.4 Diversidade bacteriana em manguezais

Apesar de serem ambientes extremos, os manguezais abrigam uma grande diversidade bacteriana. Em amostragens de sedimentos os principais grupos sequenciados são semelhantes, independentemente da região (NIKOLAKI; TSIAMIS, 2013) pertencendo aos filos Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes e Firmicutes. Estes são os grupos que em geral perfazem mais de 80% da diversidade bacteriana das amostras de manguezal em países como Índia (CHAKRABORTY et al., 2015; FERNANDES et al., 2014), Brasil (DIAS et al., 2010), China (TONG et al., 2019). De maneira geral, Proteobacteria é o filo mais encontrado nos manguezais, porém os vínculos entre os organismos do filo e as variáveis ambientais no ecossistema de manguezais ainda não estão completamente claros. A dominância do filo ocorre em ambientes com altas concentrações de HPAs (DOS SANTOS et al., 2011), de metais pesados (ALMEIDA et al., 2009) e também é relacionada à concentração de matéria orgânica (TONG et al., 2019). Outros filos como Bacteroidetes e Firmicutes parecem ter o grau de profundidade e oxigenação do sedimento como fator limitante para sua distribuição e abundância (SU et al., 2018; TONG et al., 2019). A estrutura e composição das comunidades microbianas em solos de manguezais é influenciada por fatores como a concentração de nutrientes, biogeografia, profundidade no sedimento, atividades antropogênicas, sazonalidade, ação de marés e inclusive pela quantidade de raízes do próprio mangue ou as espécies que compõem os bosques (BEHERA et al., 2018; CHAMBERS et al., 2016; CHEN et al., 2012; DIAS et al., 2012; LUO et al., 2018; WU et al., 2019). O que se sabe é que parece não haver um padrão específico na determinação da dominância das comunidades bacterianas, uma vez que estudos revelaram consideráveis diferenças dentro dos próprios manguezais na estrutura da comunidade (BASAK et al., 2015; GOMES et al., 2014; ZHOU et al., 2017; ZHU et al., 2018). Porém, vários outros estudos também relataram uma diferença entre bosques de manguezais (BIBI et al., 2017; FERNANDES et al., 2014; YUN; DENG; ZHANG, 2017). Isto sugere que a estrutura da comunidade bacteriana dos manguezais seja específica para cada localidade. Os habitats únicos de mangue em diferentes locais geográficos parecem hospedar bactérias com estruturas comunitárias distintas.

O reconhecimento de características determinantes na presença ou ausência de certas espécies da comunidade bacteriana em manguezais só foi possível por meio das técnicas independentes de cultivo (ANDREOTE et al., 2012). Por permitir a extração

direta de material genético de amostras ambientais, estas técnicas impulsionam os trabalhos científicos na compreensão da complexidade microbiana e permitem trabalhos que comparem diferentes situações de impacto ambiental em manguezais (DIAS et al., 2010), localidades e estados de preservação diferentes (DIAS et al., 2011; DIAS et al., 2012) e, inclusive, ecossistemas diferentes (IMCHEN et al., 2017). Estudos utilizando sequenciamento de alto rendimento em sedimentos de manguezais no Brasil, China e Índia ampliaram o conhecimento sobre a diversidade taxonômica microbiana e seu potencial funcional (AHMED et al., 2011; ALVES DE CASTRO LOPES et al., 2013; ANDREOTE et al., 2012; BASAK et al., 2014, 2015; CABRAL et al., 2016; CHAKRABORTY et al., 2015; CHAKRABORTY et al., 2014; CHEN; YE, 2011; DIAS et al., 2012; LIN et al., 2018; PRAMANIK; SENGUPTA; BHATTACHARYYA, 2019; REN et al., 2008; TAKETANI et al., 2010; WU et al., 2016; YAO et al., 2017; ZHU et al., 2018). Porém ainda existem desafios a serem superados em relação aos fatores envolvidos na modelagem da biogeografia microbiana em manguezais. Com o advento das tecnologias de sequenciamento de nova geração, a identificação molecular de microrganismos substituiu a tradicional, dependente de cultivo, ampliando o conhecimento sobre a diversidade de comunidades microbianas (SHOKRALLA et al., 2012). A maioria desses estudos é baseada no sequenciamento do gene 16S rRNA, que é composto de regiões altamente conservadas intercaladas com regiões hipervariáveis (YANG; WANG; QIAN, 2016). As regiões conservadas servem como bases para a criação de primers de reação em cadeia da polimerase (PCR), enquanto o sequenciamento das regiões hipervariáveis identifica taxonomicamente as bactérias presentes nas amostras. O gene 16S rRNA possui 9 regiões hipervariáveis (V1-V9), que são escolhidas de acordo com o grupo alvo que será avaliado juntamente da plataforma de sequenciamento escolhida (e.g. Illumina, IonTorrent, Roche 454). As regiões V1, V2 e V3 são amplamente utilizadas para a identificação de bactérias patogênicas (CHAKRABORTY et al., 2007), enquanto a região V1-V3 pode ser utilizada para identificação de bactérias da mucosa bucal humana (KUMAR et al., 2011) bem como em amostras ambientais de sedimentos (LI et al., 2009). A região V4 foi apontada como a ideal para avaliar a comunidade bacteriana de um lago ao indicar boa especificidade de domínio, maior cobertura e um espectro mais amplo no domínio Bacteria (ZHANG et al., 2018). De maneira geral, a região V3-V4 do gene é amplamente utilizada nos sequenciamentos bacterianos de amostras de origem ambiental, humana (GRASPEUNTNER et al., 2018) e alimentícia (POIRIER et al., 2018). Estudos anteriores mostraram que a escolha de uma região hipervariável específica

direcionada no sequenciamento de 16S rRNA pode alterar significativamente a estrutura percebida da comunidade microbiana (CAI et al., 2013; KLINDWORTH et al., 2013). Além disso, a escolha dos conjuntos de primers específicos para levantamento da diversidade bacteriana também deve ser considerada, uma vez que o uso de diferentes primers afeta o grau de cobertura e especificidade das análises (KLINDWORTH et al., 2013). Portanto, a avaliação crítica da escolha de regiões hipervariáveis é importante, de modo a minimizar distorções e conflitos na análise sequencial e na comparação da microbiota.

#### **4.5 Atividade de enzimas como indicador ambiental**

A manutenção da ciclagem dos nutrientes nos sedimentos é realizada por meio da degradação dos compostos orgânicos através da secreção de enzimas extracelulares da parcela microbiana e da própria atividade enzimática do solo, que consiste em enzimas imobilizadas nos colóides do solo e materiais húmicos (CALDWELL, 2005; SRINIVASA RAO et al., 2016). A atividade enzimática em solos fornece informações sobre o potencial bioquímico e sua capacidade de se recuperar frente a adversidades. Ainda, são indicadores da qualidade do solo, no sentido de que mudanças em funções-chave do sedimento podem fornecer informações sobre o avanço de iniciativas de biorremediação ou sobre o andamento do manejo dos solos estudados. A atividade enzimática microbiana é uma característica usualmente explorada em trabalhos que descrevem ou comparam o estado de conservação de amostras de solos terrestres (MENDES; SOUSA; REIS JUNIOR, 2015). Porém, avaliar esta característica deveria ser frequente em solos de qualquer ecossistema, já que solos representam um recurso dinâmico e não renovável, são reservatórios de diversidade genética microbiana e abrigam os organismos-base das cadeias tróficas e ciclos biogeoquímicos (DORAN; ZEISS, 2000). A quantificação de enzimas específicas permite inferir sobre a dinâmica dos principais ciclos biogeoquímicos como os ciclos do Carbono, Nitrogênio, Fósforo e Enxofre. Neste sentido, as principais enzimas analisadas são as  $\beta$ -glucosidases, as desidrogenases, as fosfatases ácidas e as arilsulfatases.

As desidrogenases (E.C. 1.1.1) desempenham um papel importante nos estágios iniciais da oxidação da matéria orgânica do solo, transferindo hidrogênio ou elétrons de substratos para aceptores (MOESKOPS et al., 2010; ZHANG et al., 2010). A mensuração da atividade de desidrogenase (DHA) de um solo depende das atividades de várias desidrogenases, que são parte fundamental do sistema enzimático de todos os microorganismos vivos, como enzimas do metabolismo respiratório, ciclo do citrato e

metabolismo do nitrogênio (SUBHANI et al., 2001). Assim, a DHA serve como um indicador dos sistemas redox microbiológicos e pode ser considerado uma medida adequada das atividades oxidativas microbianas no solo. Devido à sua importância nos processos de transformação da matéria orgânica e ao seu potencial para indicar a atividade microbiológica disponível no solo, a desidrogenase tem sido uma ferramenta bioquímica escolhida em vários campos das investigações da ciência agrícola e do solo. A produção desta enzima em bactérias do solo é relacionada em grande parte a organismos pertencentes ao filo Proteobacteria. Neste sentido, a presença de desidrogenase em amostras permite concluir que há atividades de bactérias no solo (WOLIŃSKA; STEPNIEWSKA, 2012) e podem dar indicações do potencial do solo para manter os processos biológicos, que são essenciais para a sua fertilidade e sustentabilidade (BALOTA et al., 2013).

As  $\beta$ -glucosidases (E.C.3.2.1.21) estão incluídas no grupo das glucosidases, que compreendem as enzimas mais comuns e predominantes no solo. A enzima desempenha o papel de catalisar a hidrólise de  $\beta$ -glucosídeos presentes em detritos vegetais em decomposição no solo. Registra-se a produção de  $\beta$ -glucosidase não somente na parcela microbiana dos sedimentos, como também em plantas, animais e leveduras (VEENA et al., 2011). Com base nestes estudos, considera-se que uma parte da atividade enzimática de  $\beta$ -glucosidase dos sedimentos seja associada a enzimas de origem biológica, porém não mais associadas a células vivas. Desta forma, a atividade de  $\beta$ -glucosidase mede também as enzimas excretadas na solução do solo além das de origem microbiana adsorvidas a argilas ou húmus coloides (BUSTO; PEREZ-MATEOS, 2000). Por este motivo, os valores de atividade de  $\beta$ -glucosidase são utilizados para detectar o efeito de manejo nos solos, já que refletem a atividade biológica passada e a capacidade do solo de estabilizar a matéria orgânica (BANDICK; DICK, 1999; NDIAYE et al., 2000). Ainda, é uma enzima limitante da taxa de degradação microbiana de celulose para glucose, uma importante fonte de carbono para a vida de microrganismos no solo (TABATABAI, 1994). Geralmente, a atividade da  $\beta$ -glucosidase pode fornecer evidências avançadas de mudanças no carbono orgânico muito antes de poderem ser medidas com precisão por outros métodos de rotina (MAKOI; NDAKIDEMI, 2008). Ela também tem relação com o teor de matéria orgânica do solo, sendo utilizada para se definir protocolos de adubação, comparar tipos de plantio, ou direcionar atividades de manejo em solos terrestres (FERREIRA; STONE; MARTIN-DIDONET, 2017; PORTILHO et al., 2015). Uma maior compreensão das atividades da enzima  $\beta$ -glucosidase e dos fatores que as influenciam

pode contribuir significativamente para os estudos do estado do ecossistema do solo (DAS; VARMA, 2011).

As fosfatases (E.C. 3.1.3) constituem um grupo diverso de enzimas que hidrolisam ésteres de fosfato presentes em vários tipos de substratos, sob diversas condições (VINCENT; CROWDER; AVERILL, 1992). As enzimas do grupo das fosfatases catalisam o processo de mineralização do fósforo orgânico para formas que possam ser absorvidas por plantas e comunidade microbiana (CONDRON; TURNER; CADE-MENUN, 2005). Assim como as enzimas descritas anteriormente, as fosfatases nos sedimentos também se originam de múltiplas fontes como animais, plantas e bactérias. A atividade das fosfatases são influenciadas por flutuações na temperatura, salinidade, razão fosfato-fósforo, pH além das propriedades dos solos e ação humana (ACOSTA-MARTÍNEZ; TABATABAI, 2000; OPRICA et al., 2011; TRIPATHI et al., 2007). São ótimas indicadoras de qualidade do solo e, em sistemas em equilíbrio, espera-se que suas concentrações sejam mais altas devido à maior quantidade de carbono orgânico presente no sedimento (AON; COLANERI, 2001). Compreender a dinâmica das atividades da fosfatase nos ecossistemas do solo é crucial para prever suas interações, pois suas atividades podem regular a absorção de nutrientes e o crescimento das plantas (DAS; VARMA, 2011).

As enzimas do grupo das Arilsulfatases (E.C. 3.1.6) catalisam a hidrólise de ligações éster de arilsulfato liberando sulfonato livre (STRESSLER et al., 2016). Fazem parte da ciclagem de enxofre (S) nos solos, atuando principalmente na mineralização deste nutriente para o íon sulfato, absorvido por plantas. Parte considerável das arilsulfatases nos solos é secretada por bactérias em resposta à limitação do enxofre e normalmente, sua ocorrência nos solos é correlacionada com a biomassa microbiana e o nível de imobilização do enxofre (VONG et al., 2003). Sabe-se que o processo de mineralização do sulfato é afetado pela presença de metais pesados no solo, alterações no pH, teor de matéria orgânica. Até agora, sabe-se pouco sobre gêneros ou espécies microbianas específicas que desempenham um papel importante no ciclo do enxofre do solo (KERTESZ; MIRLEAU, 2004) em que arilsulfatase é a enzima chave. Considerando a importância do enxofre na nutrição de plantas, uma maior compreensão do papel das arilsulfatases e da comunidade microbiana na mobilização de enxofre nos sedimentos em solos agrícolas é extremamente necessário.

#### **4.6. A Baía Babitonga**

A Baía Babitonga compõe o maior complexo estuarino do litoral de Santa Catarina, com uma área de aproximadamente 160 km<sup>2</sup>. O estuário é composto por 4 bacias hidrográficas: Palmital, Parati, Cachoeira e Cubatão, e é rodeado pelos municípios de São Francisco do Sul, Araquari, Joinville, Itapoá, Barra do Sul e Garuva. Historicamente, ao longo de um processo de ocupação desordenada, a região sofreu degradações de seus ecossistemas, especialmente os manguezais (CREMER ; MORALES; OLIVEIRA, 2006). A ocupação ilegal, o assoreamento acelerado por supressão ilegal da vegetação, a pesca predatória e caça clandestina, a ocupação ilegal das áreas públicas, a poluição hídrica por esgotos domésticos e industriais e o despejo de materiais sólidos são algumas das atividades que mais ameaçam o equilíbrio da região (MMA, 2007). O estuário sofreu uma alteração drástica em sua hidrodinâmica em 1935 com o fechamento do canal do Linguado (CREMER; MORALES; OLIVEIRA, 2006). Por conta disto, a região acumula o sedimento e poluentes dos municípios vizinhos há 83 anos. Este assoreamento levou a diminuição de cerca de 92% da profundidade do canal e, conseqüentemente, a impactos ambientais e econômicos para a região (KNIE, 2002). Em geral a concentração de metais pesados nos sedimentos da Baía está abaixo dos valores para ser considerado contaminado, porém atenção é necessária ao revolvimento de sedimentos na região do Canal do Linguado, que oferece riscos se houver a disponibilização de Cádmio, Chumbo e Zinco à coluna d'água (DEMORI, 2008). A região é candidata à criação de uma área protegida de uso sustentável (MMA, 2007). A iniciativa se dá pelo estímulo ao ecoturismo na região, pela força da pesca artesanal ainda presente e para a preservação das espécies de importância comercial e ecológica. Seu entorno é rodeado por florestas de mangue e importantes remanescentes de Mata Atlântica e restinga (KNIE, 2002). Cerca de 75% dos bosques de manguezais do estado de Santa Catarina pertencem à região que, em termos de cobertura vegetal, é o limite austral deste ecossistema no Oceano Atlântico. Nas margens da Baía também está inserido o maior polo industrial do Estado de Santa Catarina, na cidade de Joinville; os portos de São Francisco do Sul e Itapoá; e um terminal de transporte de petróleo em São Francisco do Sul. Atualmente uma das maiores ameaças que a região sofre vem da construção de um terminal graneleiro na região da Ponta do Sumidouro, entre as praias do Capri e do Forte. A obra suprimirá 114,43 hectares de vegetação nativa que compreende o manguezal, restinga arbórea e restinga arbustiva. De acordo com os grupos de pesquisa da região, a Ponta do Sumidouro é uma das regiões mais produtivas da Baía. Nesta área há ampla atividade de

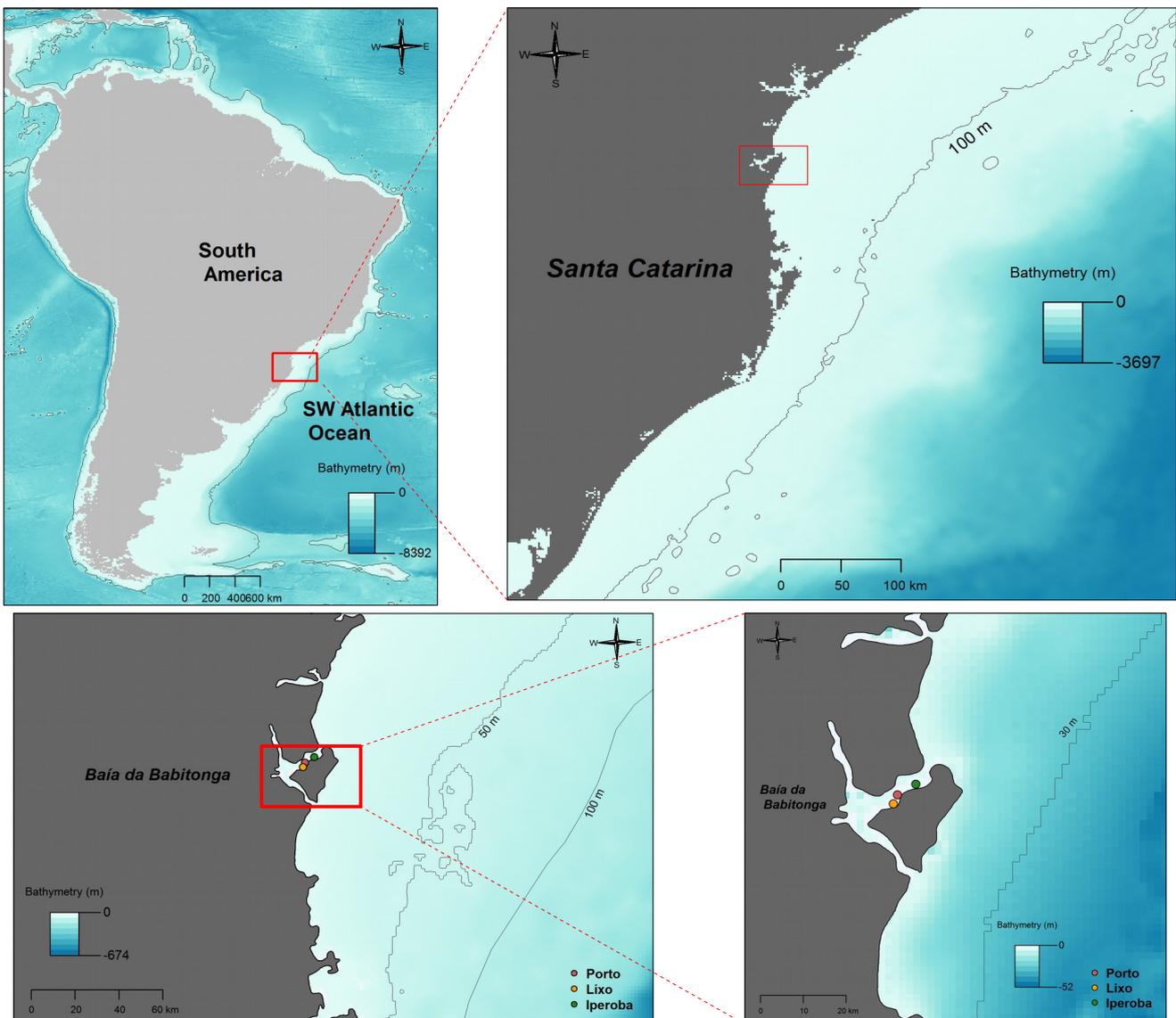
pesca, registros frequentes de botos-cinza, toninhas, tartarugas, entre outras espécies. A seguir um trecho do manifesto do “Projeto Toninhas” a respeito deste empreendimento: “Segundo a LAI, a dragagem deverá ocorrer 24 horas por dia, e a derrocagem das rochas deverá ocorrer por meio de 12 explosões diárias, com remoção das rochas acontecendo 24 horas por dia. Estas atividades são de altíssimo impacto, comprometendo toda a fauna. Somadas a elas, ainda estão previstas várias outras atividades associadas, como a fixação de estacas para a construção do píer. Naturalmente, a dragagem será uma necessidade constante nesta região para manter a profundidade do canal de acesso dos navios, o que representaria um impacto permanente para a região.” O estuário é destino de aves migratórias neárticas (BISINELA; ANDRADE; CREMER, 2014; GROSE; HILLEBRANT; CREMER, 2013); é área de vida do mero (GERHARDINGER et al., 2009) e de espécies ameaçadas de extinção como a toninha (*Pontoporia blainvillei*), a tartaruga-verde (*Chelonia mydas*) e o boto-cinza (*Sotalia guianensis*) (CONSEMA/002, 2011). O estuário também sustenta a atividade pesqueira local que realiza a captura de camarões (*Farfantepenaeus paulensis*, *Farfantepenaeus brasiliensis* e *Litopenaeus schimitti*), caranguejos (*Ucides cordatus*), peixes (GERHARDINGER, L.C. et al., 2006; MUNIZ; CUNHA CHAVES, 2008; SOUZA-CONCEIÇÃO et al., 2013), além de ser uma área propícia para o cultivo de moluscos (LOPES et al., 2013; TURECK et al., 2004). Apesar de sua importância, pouco se sabe sobre a biota da região da Baía da Babitonga, especialmente quando se trata de pequenos invertebrados e comunidade microbiana. A ausência de conhecimento básico sobre a região, dificulta o desenvolvimento de políticas adequadas de gestão de conservação. Esta situação não é exclusiva da Baía da Babitonga, mas é representativa na maioria das áreas protegidas do Brasil, as quais faltam estudos para fauna e flora tanto terrestres quanto aquáticas (AGOSTINHO et al., 2005).

## 5 MATERIAL E MÉTODOS

### 5.1. Coleta de amostras

As amostras deste trabalho foram coletadas no manguezal da Baía Babitonga ( $26^{\circ}02' - 26^{\circ}28'S$  e  $48^{\circ}28' - 48^{\circ}50'W$ ) em Dezembro dos anos de 2015 e 2016. Os pontos de coleta selecionados estão localizados na mesma margem da baía, a fim de minimizar os efeitos de possíveis diferenças de salinidade pela ação das marés e aporte dos rios, sendo a influência ambiental a mais semelhante possível (Figura 1).

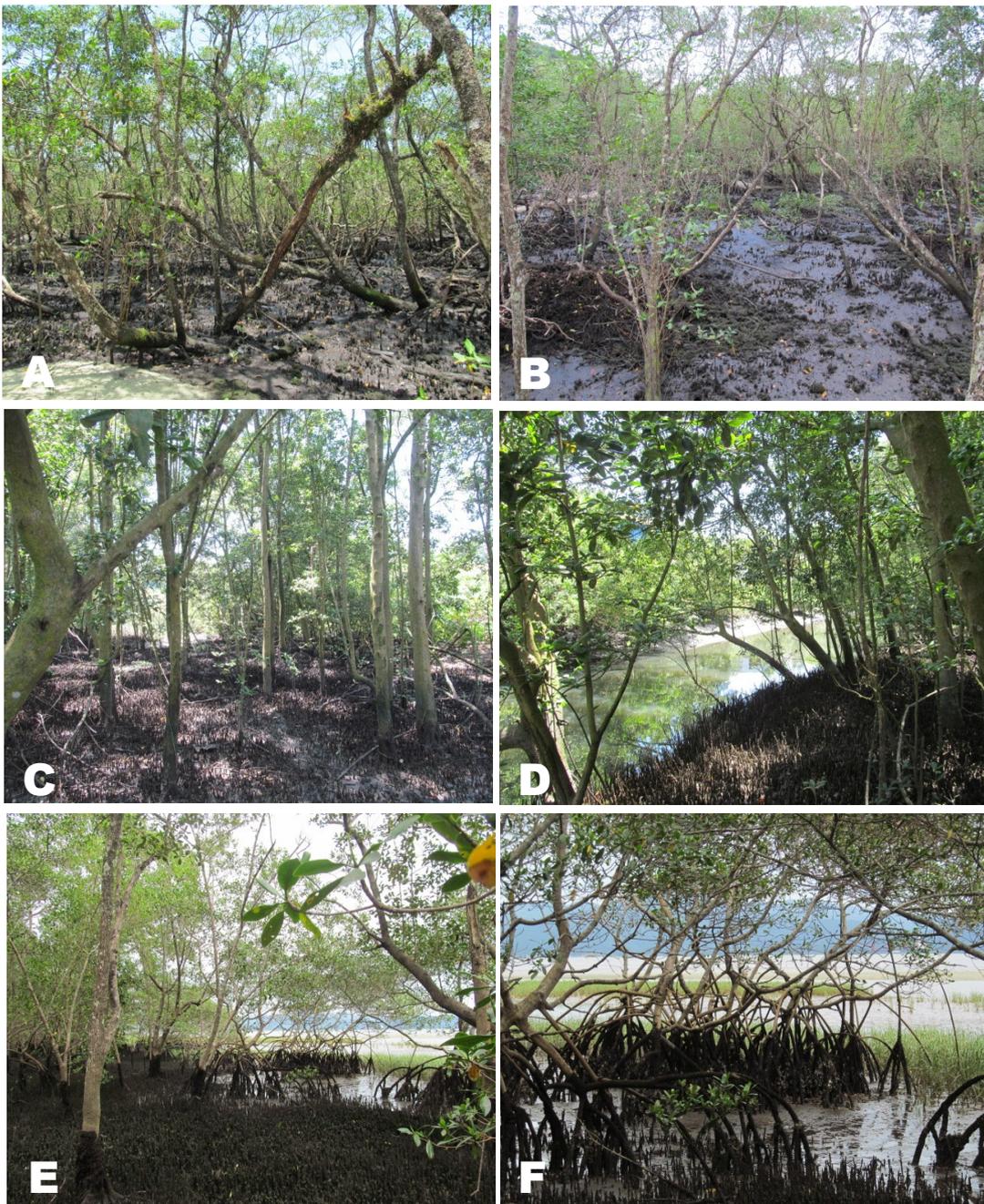
Figura 1 - Mapa da Baía Babitonga, com os locais selecionados para amostragem. (Fonte: Autor)



Os locais foram selecionados por meio de visita para reconhecimento da área. Um está localizado na Praia do Lixo (L), que sofre com a influência da construção de

moradias e despejo constante de esgoto doméstico (Figura 2A,B), outro está localizado próximo ao Porto de São Francisco do Sul (P), uma área com intenso fluxo de embarcações e que passa por dragagens a cada 22 meses (PETCON, 2003) (Figura 2C,D). O último local selecionado está na região do Saco do Iperoba (I) (Figura 2E,F), onde não houve supressão recente de vegetação e não há moradias em seu entorno, sendo o local com o menor impacto possível dentro dos requisitos estabelecidos.

Figura 2 – Imagens dos locais de coleta de amostras de sedimento no manguezal da Baía Babitonga. A e B: Área da Praia do Lixo; C e D: Área do Porto; E e F: Área do Saco do Iperoba (Fonte: Autor)



Para cada local foram selecionados três pontos na zona de franja do bosque. De cada ponto foram retiradas três amostras da camada superficial do sedimento (0-10 cm) para análise da comunidade bacteriana e das características físicas e químicas do sedimento. Assim, cada amostra era constituída de uma quantidade de sedimento, obtida por amostrador de 10 cm de altura por 7 cm de diâmetro, introduzido no sedimento dos manguezais e retirado contendo o material a ser analisado. Para se diminuir a ação da variabilidade do ambiente, cada amostra foi composta de 3 sub-amostras homogeneizadas *in situ* e armazenadas em tubos Falcon devidamente etiquetados. As amostras foram imediatamente transportadas para congelamento e posterior análise em laboratório.

## **5.2. Extração de DNA das amostras do sedimento**

A partir de cada uma das amostras, o DNA total foi extraído de acordo com a metodologia descrita para o DNeasy PowerSoil Kit (Qiagen).

## **5.3. Preparo da biblioteca de sequenciamento**

A preparação da biblioteca de sequenciamento foi executada de acordo com um protocolo de PCR de duas etapas. As reações de PCR foram sempre realizadas em triplicatas usando Platinum Taq (Invitrogen, EUA) com as condições: 95 °C por 5 min, 25 ciclos de 95 °C por 45 s, 55 °C por 0 s e 72 °C por 45 s e uma extensão final de 72 °C por 2 min para PCR 1. Na PCR 2, as condições foram 95 °C por 5 min, 10 ciclos de 95 °C por 45 s, 66 °C por 30 s e 72 °C por 45 s e uma extensão final de 72 °C por 2 min. Na primeira reação foram utilizados os primers 314F-806R (WANG et al., 2009; CAPORASO et al., 2011) para a região V3-V4 pois cobrem amplamente a identificação taxonômica de Bacteria e Archaea (TAKAHASHI et al., 2014). Para a segunda reação foram escolhidos os primers V3-V4 com as seguintes condições: os primeiros primers de PCR continham as seqüências Illumina baseadas no adaptador de estrutura TruSeq (Illumina, San Diego, CA), permitindo este segundo PCR com seqüências de indexação. Esta última reação de PCR foi purificada utilizando esferas AMPureXP (Beckman Coulter, Brea, CA) e as amostras foram reunidas nas bibliotecas de sequenciamento.

Foi realizada a rarefação dos fragmentos obtidos e a unidade taxonômica (OTU) 'Classe' foi o menor nível taxonômico analisado, para se garantir confiabilidade nos resultados das análises estatísticas apresentadas neste trabalho.

## **5.4. Análises físico-químicas do sedimento**

### **5.4.1. Porcentagem de matéria orgânica, carbonato de cálcio e granulometria**

Parte do sedimento foi desidratado em estufa a 60 °C e depois de seco, foram analisadas a porcentagem de matéria orgânica (M.O.) e de carbonato de cálcio (CaCO<sub>3</sub>) seguindo o método de Dean (1974). Após o processamento das amostras, os valores de porcentagem foram obtidos pela equação 1.

$$\% \text{ (M.O. ou CaCO}_3\text{)} = \frac{[(\text{Massa inicial} - \text{Massa final}) \times 100]}{\text{Massa inicial}}$$

O restante do sedimento seco em estufa foi queimado em solução de peróxido de hidrogênio para as análises de pipetagem (GALEHOUSE, 1971) e peneiramento (escala  $\phi$ ) (SUGUIO, 1973) para determinar as proporções dos diâmetros dos grãos.

### **5.4.2. Determinação da concentração de HPAs**

Pesou-se 10 g de amostra em papel filtro com o solvente diclorometano marca Sigma-Aldrich grau de pureza CGMS, na extração via Soxhlet por 4 h. A extração das amostras foi realizada em duplicata. Para a quantificação dos HPAs foi utilizado o cromatógrafo gasoso marca Agilent, modelo 7890A com detector de espectrometria de massa modelo 5975C. Foi adicionado à amostra 25  $\mu$ L da solução estoque de HPA de 20,0  $\mu$ g/mL e 25  $\mu$ L de uma solução de 20  $\mu$ g/mL de padrão interno de HPAs deuterados. A coluna cromatográfica utilizada possuía fase estacionária composta de 5% Fenil e 95% Dimetilpolisiloxano, com 30 m de comprimento, 0,25 mm de diâmetro e 0,25 m de espessura do filme. A temperatura da coluna era de 70 °C, com rampa de aquecimento de 15 °C/min até 190 °C, permanecendo por 0 min, 20 °C/min até 300 °C, permanecendo por 2 min e 25 °C/min até 310 °C, permanecendo por 5 min. O modo de injeção utilizado foi o pulsed split, a uma temperatura de 280 °C, enquanto a temperatura da interface era de 290 °C. O tempo de corrida cromatográfica foi de 17 min, o fluxo do gás de arraste na coluna foi de 1,0 mL/min e o volume de injeção, 1  $\mu$ L. Nas condições do Detector de Massas o modo de detecção é o SIM (selected ion monitoring), cuja finalidade é de detectar apenas os íons principais de cada composto (Tabela 1).

Tabela 1 - Principais íons dos compostos detectados no Detector de Massas.

Composto	Íon de quantificação
Naftaleno	128
Acenafetileno	152
Acenafteno	154
Fluoreno	166
Antraceno	178
Fenantreno	178
Fluoranteno	202
Pireno	202
Criseno	228
Benzo(a)antraceno	228
Benzo(b)fluoranteno	252
Benzo(k)fluoranteno	252
Benzo(a)pireno	252
Indeno(1,2,3-cd)pireno	276
Dibenzo(a,h)antraceno	276
Benzo(ghi)perileno	278
Acenafteno-d10	162
Antraceno-d10	188
Criseno-d12	240
Perileno-d12	264

### 5.5. Determinação da atividade das enzimas associadas aos Carbono, Enxofre, Fósforo e Nitrogênio.

A medida da atividade das enzimas  $\beta$ -glucosidase, arilsulfatase e fosfatase ácida baseou-se na determinação colorimétrica do p-nitrofenol liberado quando o sedimento é incubado com uma solução tamponada do substrato específico para cada enzima (Tabela 2).

Tabela 2 – Listagem das enzimas avaliadas neste estudo e seus respectivos substratos

Enzima	Substrato
$\beta$ -Glucosidase	P-nitrofenil- $\beta$ -D-glicopiranosídeo
Arilsulfatase	P-nitrofenil-sulfato
Fosfatase ácida	P-nitrofenil-fosfato

Foi pesado 1 g de sedimento livre de resíduos orgânicos de cada amostra e separado mais uma alíquota para controle. Para isso, o solo foi peneirado em malha de 4 mm e pedaços de raízes, plantas e outros materiais orgânicos grosseiros foram retirados. Foram adicionados 4 mL de solução-tampão universal modificada (MUB) e 1 mL de

solução tampão. As amostras foram incubadas a 37 °C em frascos com rolhas de borracha e, após este tempo, foi adicionado 1 mL de CaCl<sub>2</sub> 0,5 M e 4 mL de Tris (hidroximetil) aminometano (THAM) pH 12. Nos controles foi adicionado 1 mL de cada substrato. As amostras foram filtradas em papel filtro nº 2. Após serem filtradas foram diluídas em 10x e a absorbância da solução foi medida em espectrofotômetro a 420 nm (TABATABAI, 1994). A análise foi realizada em duplicata e os resultados expressos em µg de paranitrofenol liberado por grama de sedimento, por hora (µg PNP g<sup>-1</sup> h<sup>-1</sup>).

Para a determinação da atividade das desidrogenases foi utilizada a metodologia descrita por Casida et al. (1964) que se baseia na redução catalisada pela desidrogenase do corante cloreto de 2,3,5-trifeniltetrazolium (TTC) para 2,3,5-trifenilformazan (TTF), de coloração vermelha. Foi pesado 5 g de sedimento peneirado em malha de 2 mm para cada amostra. Foram adicionados 5 mL de solução aquosa (20 g L<sup>-1</sup>) de TTC em cada amostra, que foram tampadas e incubadas a 37 °C por 24 h. Após este período foi adicionado 10 mL de metanol para a extração do TTF. As amostras foram centrifugadas por 10 min a 3400 rpm, sobrenadante foi diluído em 10x e a absorbância foi medida em espectrofotômetro a 485 nm. A análise foi realizada em duplicata e os resultados expressos em µg TPF g<sup>-1</sup> h<sup>-1</sup>.

## 5.6. Análises estatísticas dos dados

A fim de avaliar as respostas dos principais filos e classes sequenciados, foram selecionados aqueles que ocorreram em pelo menos 1% das amostras. As principais tendências de distribuição e a composição da comunidade bacteriana foram descritas através dos valores de alfa e beta-diversidade. A primeira corresponde ao número de classes na amostra, calculada através do índice de Shannon e de Chao (CHAO et al., 2006; SHANNON, 1948) e foi ilustrada em gráficos de box-plot. A segunda reflete a heterogeneidade da estrutura da comunidade amostrada, sendo ilustrada neste trabalho por meio de uma análise de coordenadas principais (PcoA). Estes resultados foram obtidos por meio do Sistema Operacional do Brazilian Microbiome Project, utilizando-se o pacote QIIME e a base de dados Greengenes para reconhecimento dos fragmentos obtidos no sequenciamento (PYLRO et al., 2016)

Os parâmetros granulométricos foram determinados com a matriz das proporções dos tamanhos dos grãos. Esta matriz foi analisada no programa SYSGRAN pelo método de FOLK & WARD (FOLK; WARD, 1957) e com isso foram determinadas a média, a seleção, a assimetria e a curtose de cada amostra (CAMARGO, 2006).

Os testes de homocesticidade (testes de Levene) e normalidade (testes de Shapiro-Wilk) foram primeiramente executados como pré-requisitos para os testes estatísticos.

Análises de componentes principais (PCA) foram realizadas para se testar se as características físico-químicas do sedimento, HPA e os valores de abundância relativa da comunidade bacteriana apresentaram alguma relação com as estações de coleta. Para se compreender o efeito das variáveis ambientais (características dos sedimentos e concentrações de HPAs) sobre os grupos selecionados, foram realizadas análises de correlação de Spearman das seguintes combinações de matrizes: Filo x Sedimento; Classe x Sedimento; Filo x HPAs; Classe x HPAs. A significância dos coeficientes de correlação foi considerada quando  $p < 0,05$ .

Para examinar a relação entre os fatores físico-químicos dos sedimentos e concentração de HPAs sobre a similaridade na composição das comunidades foram realizados Testes de Mantel padrão, utilizando-se o índice de bray-curtis para produzir as matrizes a serem comparadas. A significância das diferenças entre as matrizes foi considerada quando  $p < 0,05$ . Os testes de Mantel e correlações foram realizados utilizando-se a rotina Vegan e Corrplot respectivamente, incorporadas no software R (R Development Core Team, 2009).

Para se verificar a existência de padrões nos valores de atividade enzimática e HPAs obtidos para cada estação de coleta, foram realizadas análises de variância (ANOVA) e Kruskal-Wallis respectivamente, utilizando-se o programa Past (HAMMER et al., 2001).

## 6 RESULTADOS

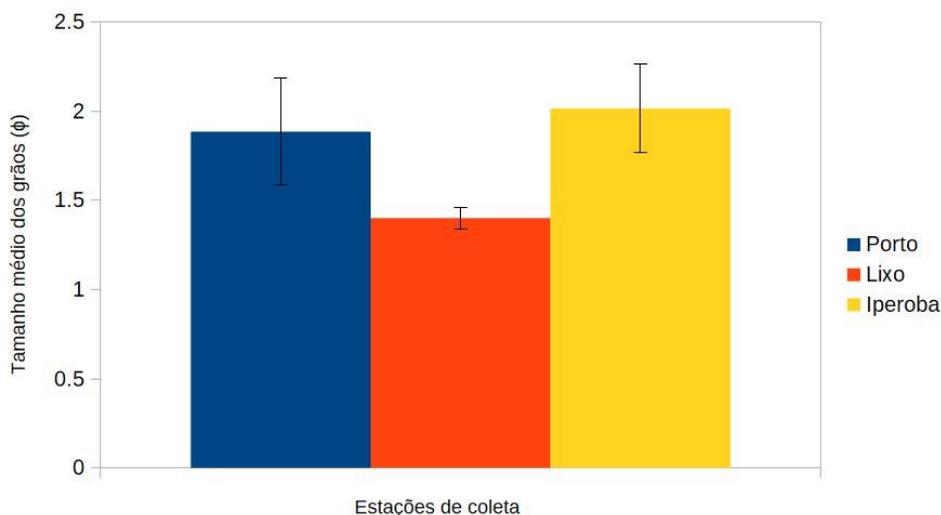
As análises *in situ* dos sedimentos registraram características uniformes para a maioria das variáveis avaliadas. A única exceção foi para os valores de oxigênio dissolvido, que registrou a menor média na estação de coleta do Porto (8,85 mg L<sup>-1</sup>) e o maior valor na estação da Praia do Lixo (14,75 mg L<sup>-1</sup>) (Tabela 3).

Tabela 3 - Valores médios e desvios-padrão dos dados físico-químicos do sedimento nas estações de coleta do manguezal da Baía Babitonga

Análise	Porto	Lixo	Iperoba
Condutividade (uS/cm)	39.525,0±1590,99	40700±4355,77	39490±3917,37
Temperatura (°C)	18,70±1,41	18,95±0,21	18,95±0,77
O <sub>2</sub> Dissolvido (mg L <sup>-1</sup> )	8,85±0,63	14,75±0,21	12,80±1,55
Salinidade	25,63±0,52	27,23±1,46	25,27±2,79
pH	7,00±0,28	7,80±0	7,20±0
Alcalinidade	100,00±28,28	100,00±28,28	80±0
Dureza (ppm)	450±0	450±0	450±0

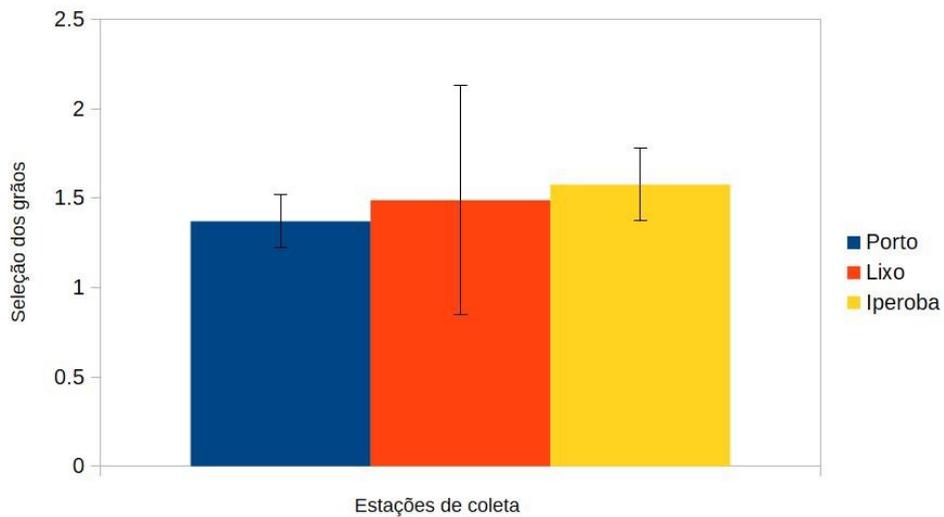
O tamanho médio dos grãos se manteve entre areia fina e areia média, sendo que areia média ocorreu para todos os pontos da estação do Iperoba e os outros pontos registraram ambos os tamanhos (Figura 3).

Figura 3 - Histograma representando a média dos tamanhos de grãos para cada estação de coleta do manguezal da Baía Babitonga.



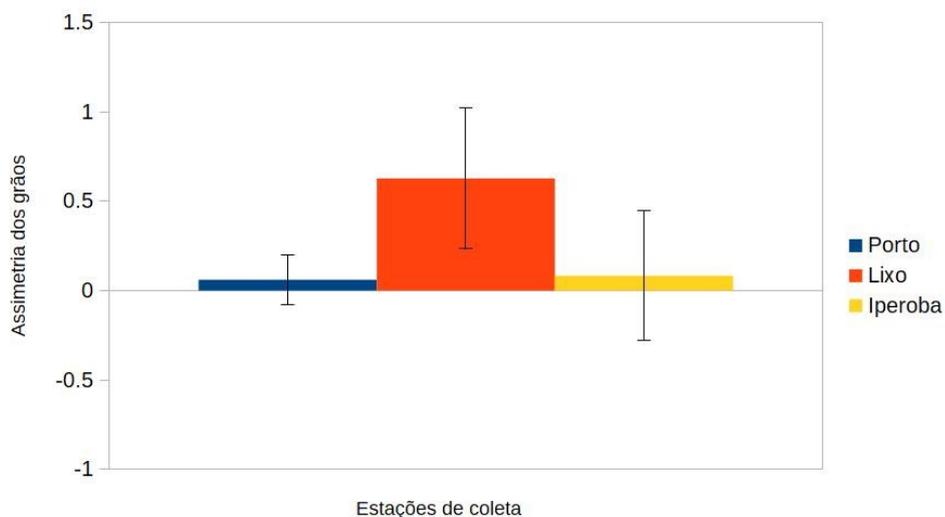
Praticamente todos os pontos das estações de coleta apresentaram grãos pobremente selecionados. A única exceção foi registrada para o ponto da Praia do Lixo, onde os grãos foram moderadamente selecionados (Figura 4).

Figura 4 - Histograma representando o grau de seleção de grãos para cada estação de coleta do manguezal da Baía Babitonga.



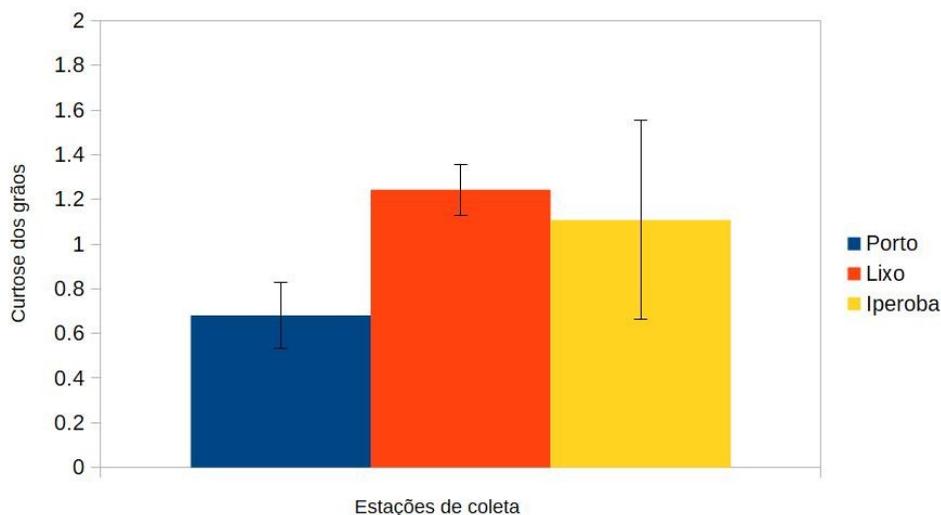
A classificação da assimetria dos grãos nos pontos de amostragem variou entre muito positiva, positiva, aproximadamente simétrica e negativa. A maioria dos pontos da estação do Porto registrou valores dentro da classificação aproximadamente simétrica, enquanto na Praia do Lixo a maioria foi muito positiva. Os pontos da estação do Iperoba registraram classificação aproximadamente simétrica (I1), muito positiva (I2) e negativa (I3) (Figura 5).

Figura 5 - Histograma representando o grau de assimetria de grãos para cada estação de coleta do manguezal da Baía Babitonga.



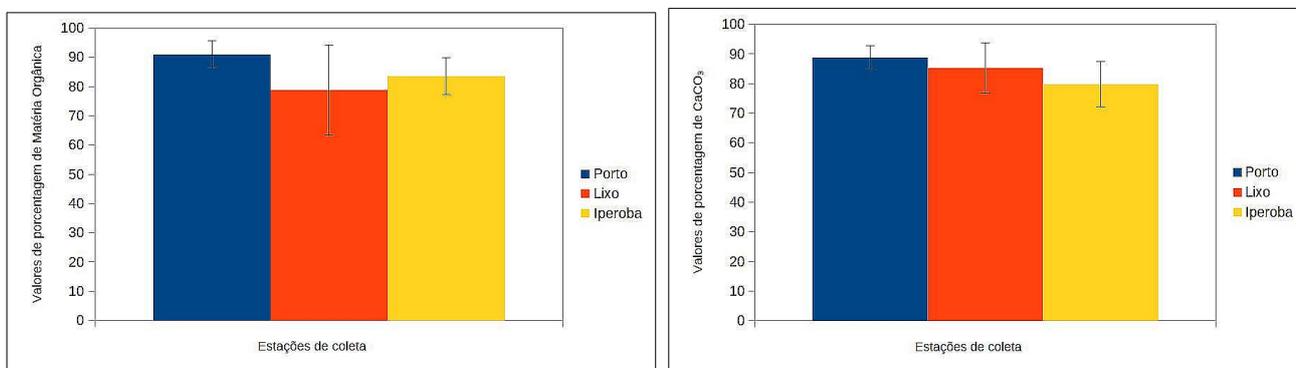
Com relação à curtose, todos os pontos da estação da Praia do Lixo registraram grãos com distribuição leptocúrtica. Os sedimentos da estação do Porto variaram entre as classificações muito platicúrtica e platicúrtica. E Iperoba apresentou um ponto com grãos de distribuição muito leptocúrtica (I1) e o restante platicúrtica (Figura 6).

Figura 6 - Histograma representando o grau de curtose de grãos para cada estação de coleta do manguezal da Baía Babitonga.



As maiores médias dos valores de porcentagem de matéria orgânica e carbonato de cálcio foram registradas para a estação do Porto. A estação do Iperoba registrou o menor valor para carbonato de cálcio, enquanto a Praia do Lixo apresentou o menor valor de porcentagem de matéria orgânica (Figura 7).

Figura 7 - Histograma dos valores das médias percentuais de a) Matéria Orgânica e b) Carbonato de Cálcio ( $\text{CaCO}_3$ ) registrados para as estações de coleta do manguezal da Baía Babitonga.



Foram analisados os 16 HPAs listados como prioritários pela agência de proteção ambiental dos Estados Unidos (USEPA) e somente Benzeno não foi detectado nos sedimentos das três estações de coleta da Baía Babitonga. A análise de Kruskal-Wallis não evidenciou nenhuma diferença estatística significativa para as concentrações dos HPAs analisados (Tabela 4).

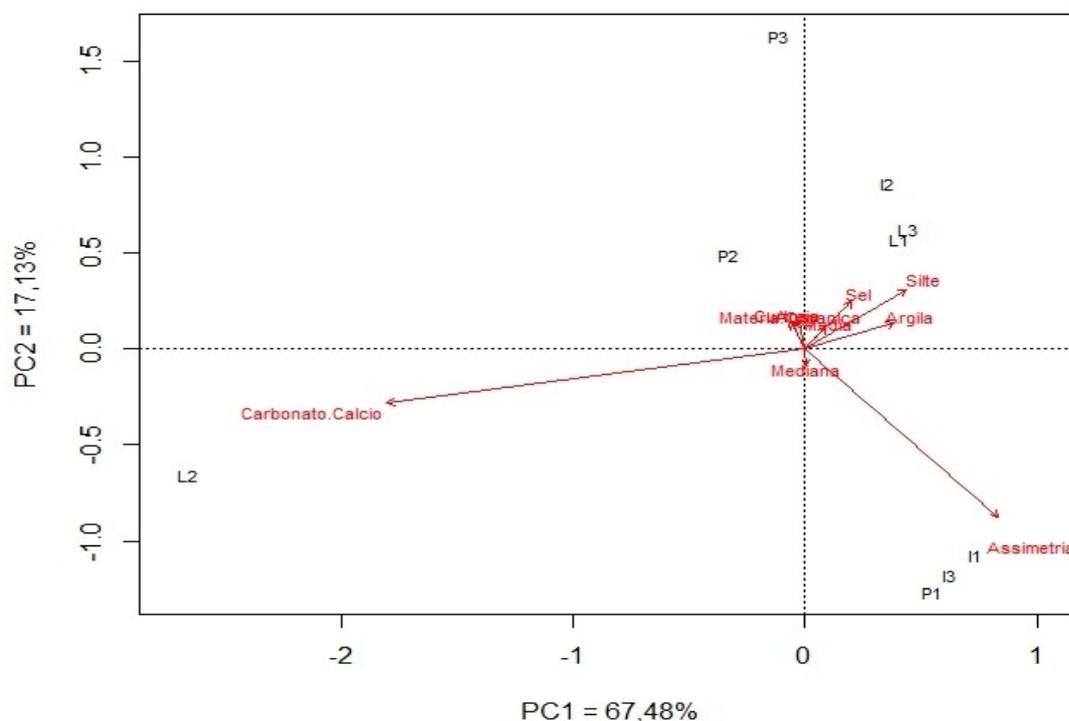
Tabela 4 - Valores médios (ug/kg) e desvio-padrão dos HPAs analisados e respectivos resultados da análise de Kruskal-Wallis

HPA	Estações de coleta			Kruskal-Wallis	
	PT	LX	IP	H (Chi <sup>2</sup> )	p
Naftaleno	28,20±0,41	32,47±2,55	31,38±6,26	2	0,3679
Acenaftaleno	42,17±3,67	39,49±2,78	60,69±24,07	0,69	0,7066
2-Bromonaftaleno	30,62±2,69	39,15±3,19	63,49±26,84	4,25	0,1194
Acenafteno	43,89±0,46	44,27±2,72	64,87±24,50	0,69	0,7066
Fluoreno	54,56±7,21	55,26±2,84	87,95±41,35	0,55	0,7575
Fenantreno	54,98±19,26	47,00±3,32	99,33±73,23	0,55	0,7575
Antraceno	48,94±10,61	41,93±2,50	70,03±37,30	0,69	0,7066
Fluoranteno	82,15±31,84	55,42±3,13	122,83±96,46	2	0,3679
Benzo(a)antraceno	94,08±23,96	74,86±3,20	139,42±94,23	1,11	0,5738
Criseno	73,95±19,82	58,19±3,27	104,44±68,01	1,13	0,5658
Benzo(b)fluoranteno	106,24±29,60	69,64±4,05	131,59±88,78	2	0,3679
Benzo(a)pireno	101,16±30,66	68,73±2,79	124,86±89,47	2	0,3679
Indeno(1,2,3-de)pireno	108,25±34,31	83,97±6,01	243,02±239,33	0,69	0,7066
Dibenzo(a,h)antraceno	79,98±25,27	71,14±4,52	135,15±95,99	0,55	0,7575
Pireno	76,06±28,72	57,31±3,85	127,46±104,63	0,69	0,7066

As análises de PCA foram aplicadas nos dados ambientais para se avaliar a distribuição e possíveis relações das variáveis do sedimento e concentrações de HPAs nos 9 pontos de coleta deste estudo. Para as variáveis do sedimento, o PCA revelou que os dois componentes principais (PC1 e PC2) explicaram 84,61% da variação dos dados. A análise revelou dois agrupamentos consistentes, sendo um formado pelos pontos P1, I1 e I3 e o outro por L1, L3 e I2. O primeiro agrupamento foi associado aos valores de assimetria, sendo composto por todos os pontos onde houve valores negativos para esta variável. O segundo agrupamento foi associado principalmente aos valores de seleção e às porcentagens de silte e argila dos sedimentos. Os pontos P2, P3 e L2 mostraram-se distanciados de todos os outros. O ponto 3 da estação do porto (P3) não apresentou nenhuma relação forte com as variáveis dos sedimentos, enquanto P2 se mostrou influenciado pelos valores médios dos grãos, porcentagem de matéria orgânica e areia. O

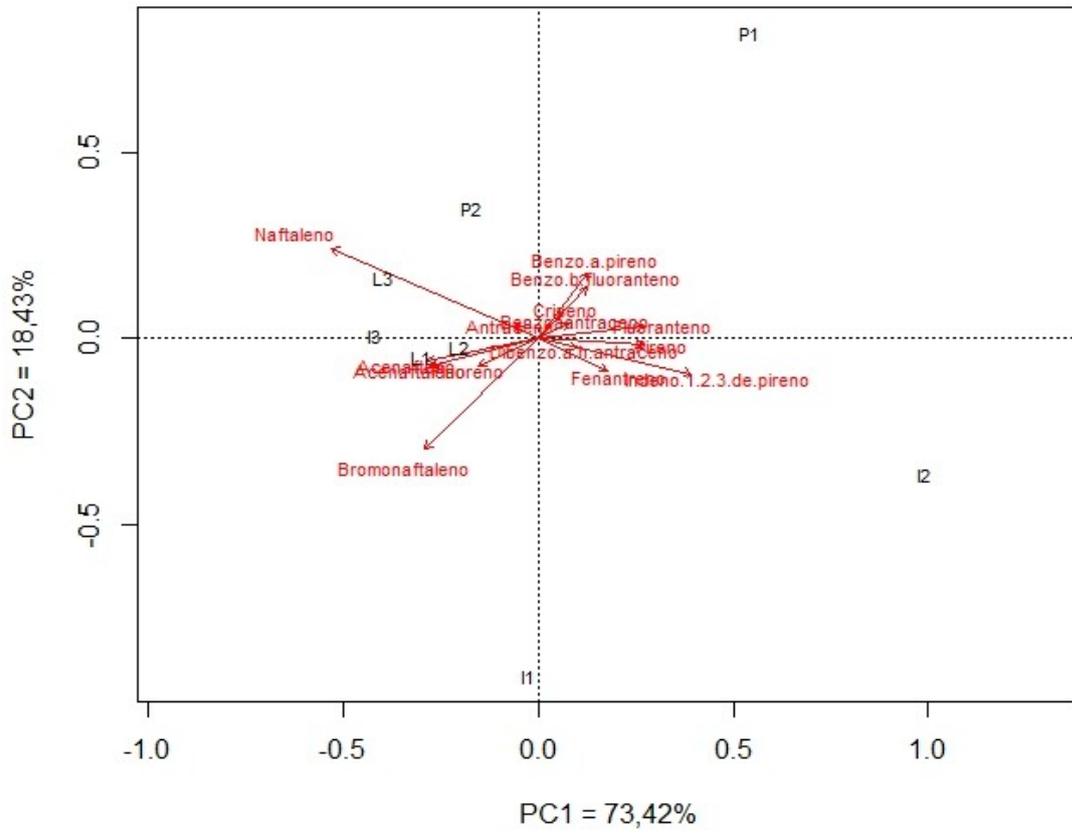
ponto 2 da praia do Lixo (L2) se mostrou relacionado com a porcentagem de carbonato de cálcio (Figura 8).

Figura 8 - Representação gráfica da análise de componentes principais (PCA) das variáveis dos sedimentos encontrados nas amostras.



O PCA de HPAs explicou cerca de 92% da variação dos dados. Os pontos I1, I2 e P1 não foram agrupados ou relacionados a nenhum hidrocarboneto específico. No primeiro quadrante da representação gráfica observou-se um agrupamento dos pontos L1 e L2, relacionados às concentrações de Bromonaftaleno, Acenafteno, Acenaftileno e Fluoreno. O segundo quadrante exibiu o agrupamento dos pontos L3 e P2, relacionados às concentrações de Naftaleno. O restante dos vetores gerados pelos valores de concentração de HPAs apresentaram uma configuração colinear, sem ter relação graficamente visível com os pontos coletados (Figura 9).

Figura 9 - Representação gráfica da análise de componentes principais (PCA) dos HPAs encontrados nas amostras.



Com relação à atividade enzimática nos sedimentos, a ANOVA realizada com todas as amostras não apresentou diferença significativa para nenhuma enzima analisada (Tabela 5).

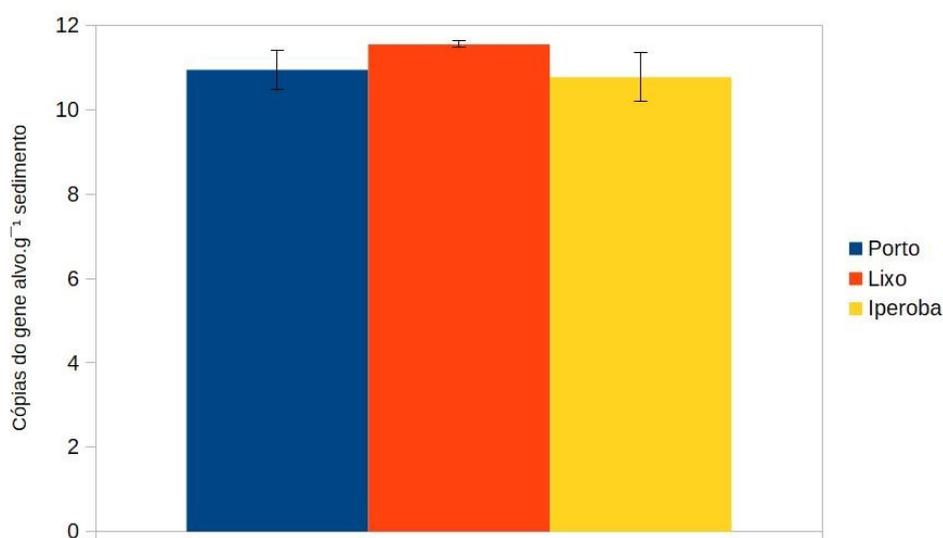
Tabela 5 - Resultados da Análise de Variância para a atividade enzimática nas estações de coleta

Enzima	Estação de coleta			ANOVA			
	Iperoba	Lixo	Porto	gl	F	MS	Tukey
Arilsulfatase ( $\mu\text{g PNP g}^{-1} \text{h}^{-1}$ )	37,00 $\pm$ 30,17	98,66 $\pm$ 19,07	202,69 $\pm$ 141,44	2	2966	21038,5	ns
$\beta$ -Glucosidase ( $\mu\text{g PNP g}^{-1} \text{h}^{-1}$ )	69,44 $\pm$ 15,28	124,94 $\pm$ 43,56	81,50 $\pm$ 30,10	2	2523	2556,02	ns
Desidrogenase ( $\mu\text{g TTF g}^{-1} \text{h}^{-1}$ )	68,10 $\pm$ 18,59	84,99 $\pm$ 19,96	80,97 $\pm$ 12,49	2	151	40,6488	ns
Fosfatase ácida ( $\mu\text{g PNP g}^{-1} \text{h}^{-1}$ )	111,80 $\pm$ 68,49	134,05 $\pm$ 43,56	178,56 $\pm$ 48,19	2	1113	1547,87	ns

ns – não significativo

A aplicação da metodologia de PCR em tempo real permitiu quantificar as comunidades alvo nas amostras de sedimentos dos distintos manguezais analisados. Este sistema foi utilizado para quantificar o número de cópias da região 16S usando este valor como referência para atribuir abundância às comunidades bacterianas. O tamanho das regiões amplificadas foi de 193 pb, e as regiões foram amplificadas com uma eficiência média de 92,6% e um valor de  $R^2$  igual a 0,99. Todos os valores foram muito semelhantes, mas foi observada uma maior tendência na abundância de bactérias da Praia do Lixo (Figura 10).

Figura 10 - Representação gráfica das médias em log de cópias do gene 16S por grama de sedimento.



A tabela 6 apresenta os valores de abundância relativa dos filos encontrados nas amostras do ano de 2015. Proteobacteria foi o filo mais abundante em todos os pontos, sendo os maiores valores registrados para a área do Porto (P1: 53,6%; P2: 57,8%; P3: 65,5%). Bacteroidetes (15,9%) e Chloroflexi (24,5%) foram o 2º e 3º filos mais abundantes. Cyanobacteria praticamente ocorreu somente na área de Iperoba, mais conservada (I1: 3,6%; I2: 2,1%; I3: 1,2%). Spirochaetes foi mais abundante para Iperoba e praia do Lixo. Esta última também registrou valores de abundância relativa de Firmicutes mais altos que os outros pontos (L1: 2,15; L2: 2,2%; L3: 2,7%).

Tabela 6 – Valores de abundância relativa de bactérias calculada para filós de cada ponto amostrado (I - Iperoba; P – Porto; L – Praia do Lixo)

	I1	I2	I3	P1	P2	P3	L1	L2	L3
GN04	0,9	1,5	1,3	0,9	0,6	0,3	0,5	0,5	0,4
Firmicutes	0,8	0,9	0,6	1	0,8	0,6	2,1	2,2	2,7
Nitrospirae	1,1	0,3	0,2	1,1	1,4	0,5	0,3	0,3	0,2
Spirochaetes	1,6	2,6	3	1,4	0,9	0,3	1,8	2,6	1,8
Caldithrix	1,9	1,7	2,7	1,6	0,9	0,6	1,6	1,7	1,3
Gemmatimonadetes	1,7	1,2	1,4	1,3	1,1	1,9	1,4	1,3	1
Chlorobi	2	0,7	1,4	1,3	1,1	1,3	1,3	0,9	1
Cyanobacteria	3,6	2,1	1,2	0,3	0,2	1,9	0,3	0,4	0,4
Acidobacteria	3,6	3,4	2,3	3,1	2,7	4,5	3,1	2,3	2,5
Actinobacteria	2,4	4	2	2,3	4,3	4,3	5	4,1	5,2
Chloroflexi	7,9	24,5	15,5	12,5	9,4	6,6	12,1	13,7	11,5
Bacteroidetes	15	9,6	15,9	13,3	14,4	9,3	14,2	15,9	14,6
Proteobacteria	51,6	36	43,5	53,6	57,8	65,5	48,9	46,7	50,9

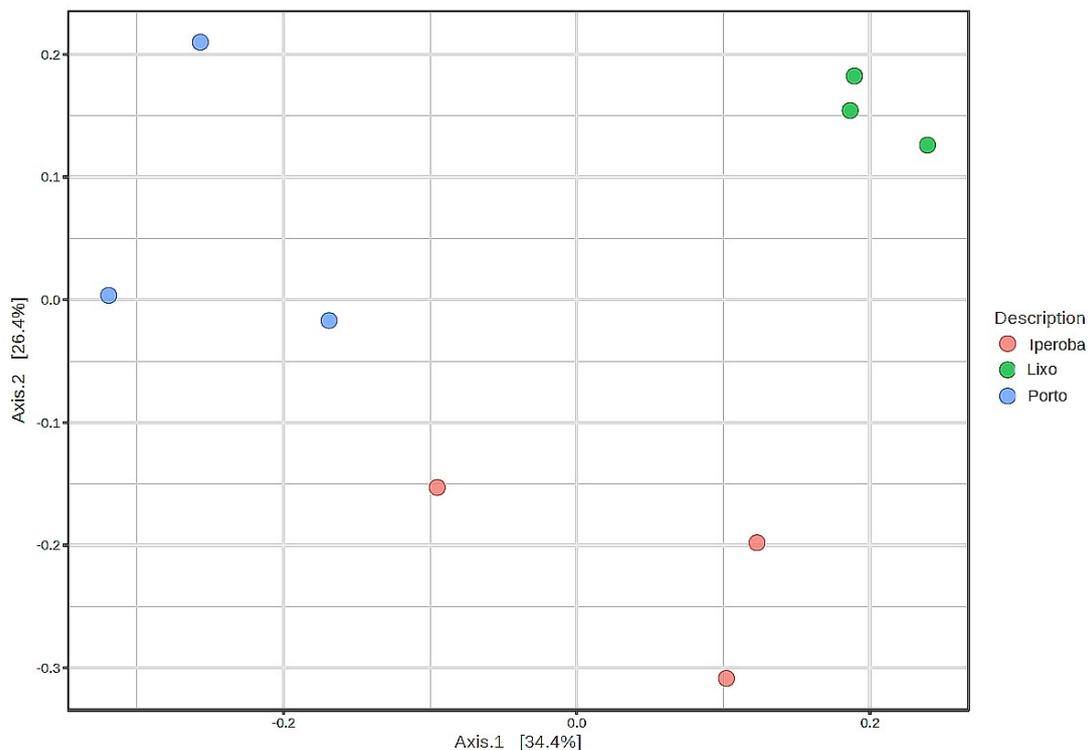
Para os valores de abundância relativa para classe, Gammaproteobacteria e Alphaproteobacteria foram os grupos mais encontrados em todos os pontos. Spirochaetes foi uma classe mais abundante para Iperoba e Praia do Lixo. Na Praia do Lixo se registrou valores de abundância relativa mais altos também para Clostridia. A área do porto apresentou uma constância nas proporções de abundâncias relativas para praticamente todas as classes quando comparadas às outras áreas de coleta (Tabela 7).

Tabela 7 - Valores de abundância relativa de bactérias calculada para classes de cada ponto amostrado (I - Iperoba; P – Porto; L – Praia do Lixo)

	I1	I2	I3	P1	P2	P3	L1	L2	L3
OP8_1	0,3	1,4	0,7	0,4	0,2	0	1	1	0,8
Clostridia	0,8	0,8	0,6	0,9	0,7	0,6	1,9	1,9	2,5
OS-K	1	0,6	0,7	1,2	1	1,5	1,4	1	1,1
Cytophagia	1,8	1,1	1,3	0,9	1,3	1,2	0,7	0,7	0,6
Nitrospira	1,1	0,3	0,2	1,1	1,4	0,5	0,3	0,3	0,2
Gemm-2	1	0,6	0,9	0,7	0,5	1	0,9	0,8	0,6
Caldithrixae	1,9	1,7	2,7	1,6	0,9	0,6	1,6	1,7	1,3
Ignavibacteria	1,9	0,6	1,3	1,2	1,1	1,2	1,1	0,7	0,8
Spirochaetes	1,4	2,1	2,5	1,2	0,8	0,3	1,6	2,4	1,5
PRR-12	1,8	1,6	1,2	1,5	1,3	0,8	1,4	1,1	1,1
Dehalococcoidetes	1	11,2	7,3	1,9	0,5	0	2,7	4	2,3
Acidimicrobiia	2,1	2	1,3	1,2	3,2	2,9	2	1,5	2
Flavobacteriia	3,8	1,8	2,8	2,9	6	3,1	3,5	3,1	3,3
Bacteroidia	7,4	6,2	10,7	8,8	5,7	2,8	8,9	11	9,4
Anaerolineae	6,8	12,7	7,9	10,4	8,8	5,4	9	9,4	8,7
Epsilonproteobacteria	1,4	1,3	1,9	8,2	3,4	1,2	5,2	6	6,1
Alphaproteobacteria	8,5	5,7	6,7	6,5	8	19,5	11,2	10	12,8
Deltaproteobacteria	20,1	18,4	19,9	21,4	22,4	17,2	17,6	17	17,4
Gammaproteobacteria	21,3	10,5	14,8	17,3	23,5	26,1	14,8	13,5	14,2

A análise de beta-diversidade mostrou que o padrão de distribuição das amostras diferiu entre os locais de coleta. As amostras da Praia do Lixo estiveram mais agregadas entre si do que as amostras do Porto e Iperoba (Figura 11).

Figura 11 - Representação gráfica de análise de Beta-diversidade para as classes de bactérias encontradas nas estações amostradas.



Este padrão pôde ser reconhecido também nos índices de diversidade ecológica de Shannon ( $p = 0,004$ ) e Chao ( $p = 0,01$ ), calculados para as classes encontradas. Os maiores valores de diversidade foram registrados para a área do Porto em ambos os casos (Figuras 12 e 13).

Figura 12 – Representação gráfica dos índices de diversidade Shannon para as classes encontradas nas amostras.

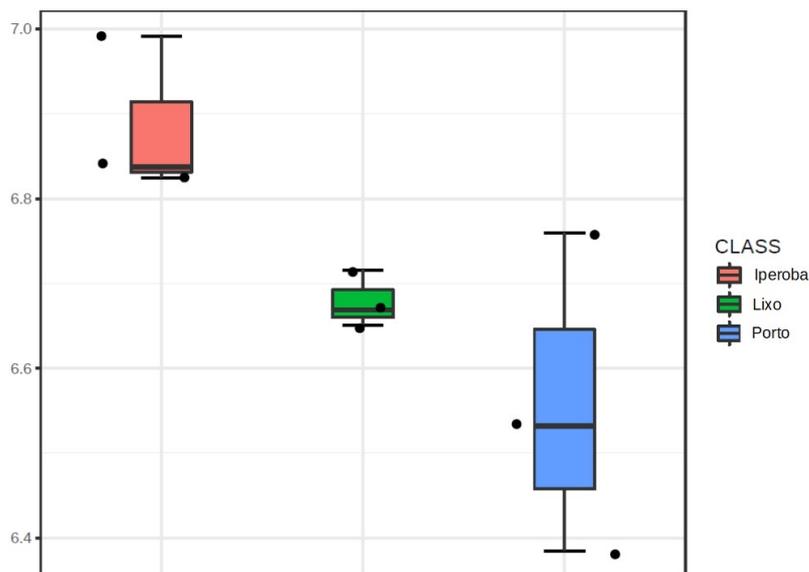
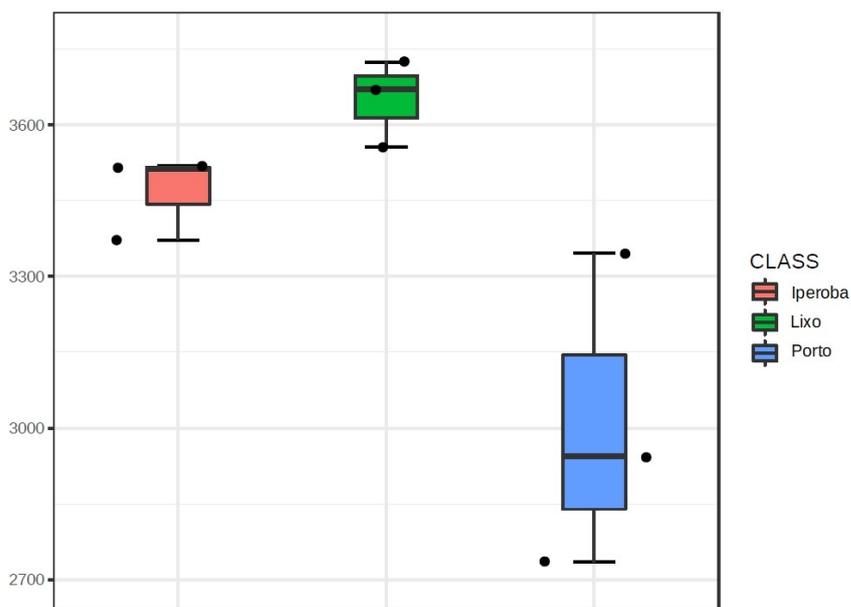


Figura 13 - Representação gráfica dos índices de diversidade Chao para as classes encontradas nas amostras.



Na análise de componentes principais, para filo e classe respectivamente, o componente principal 1 explicou 40,34% e 46,23% da variabilidade dos dados (Figuras 16 e 17). O componente principal 2 explicou a variabilidade restante (Filo: 32,92%; Classe:24,71%). De maneira geral, evidenciou-se uma disposição espalhada dos pontos de coleta, sem um padrão específico, evidenciando que as amostras são diferentes entre si. Somente a área da Praia do Lixo, foi representada de forma mais agrupada tanto para

filo quanto para classe. As amostras desta área se relacionaram aos valores de abundância relativa dos filios Firmicutes e Bacteroidetes e à classe Clostridia. As amostras da área do Iperoba e Porto não responderam a uma classificação taxonômica específica.

Figura 14 - Representação gráfica da análise de componentes principais (PCA) dos filios encontrados nas amostras.

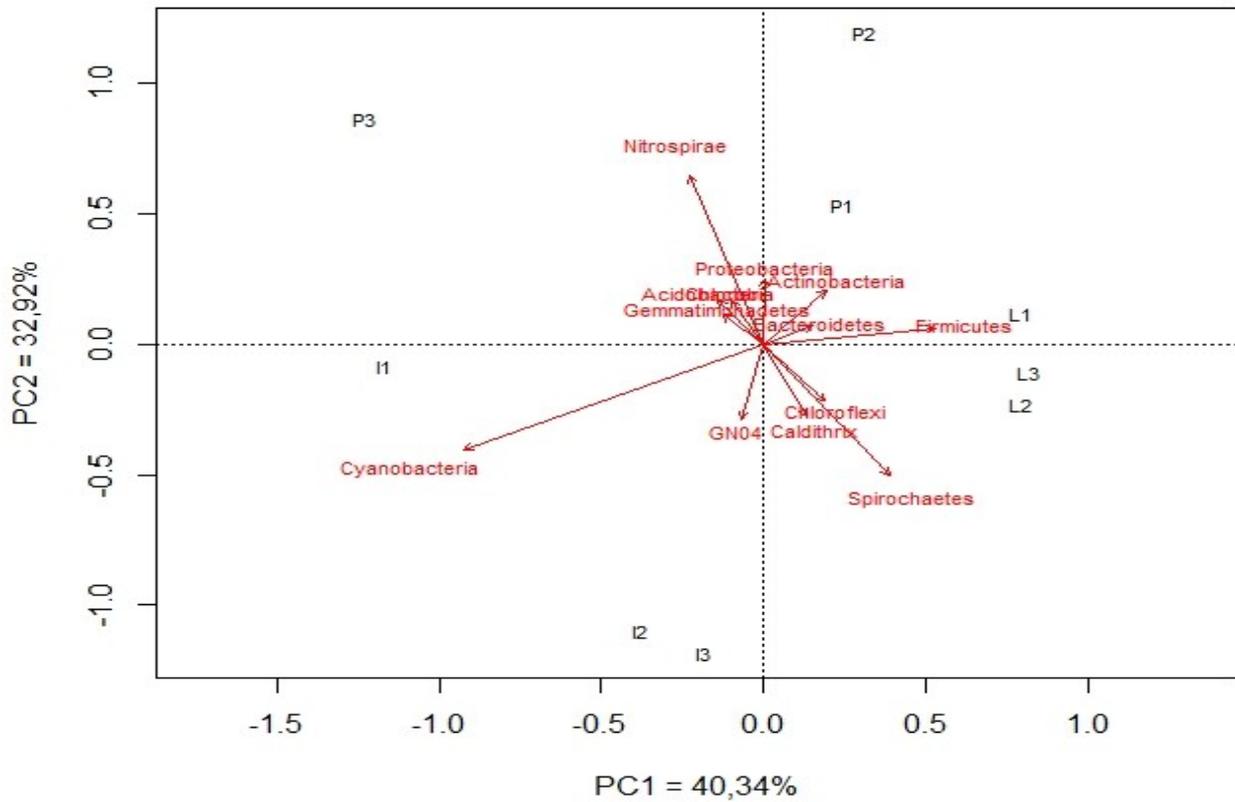
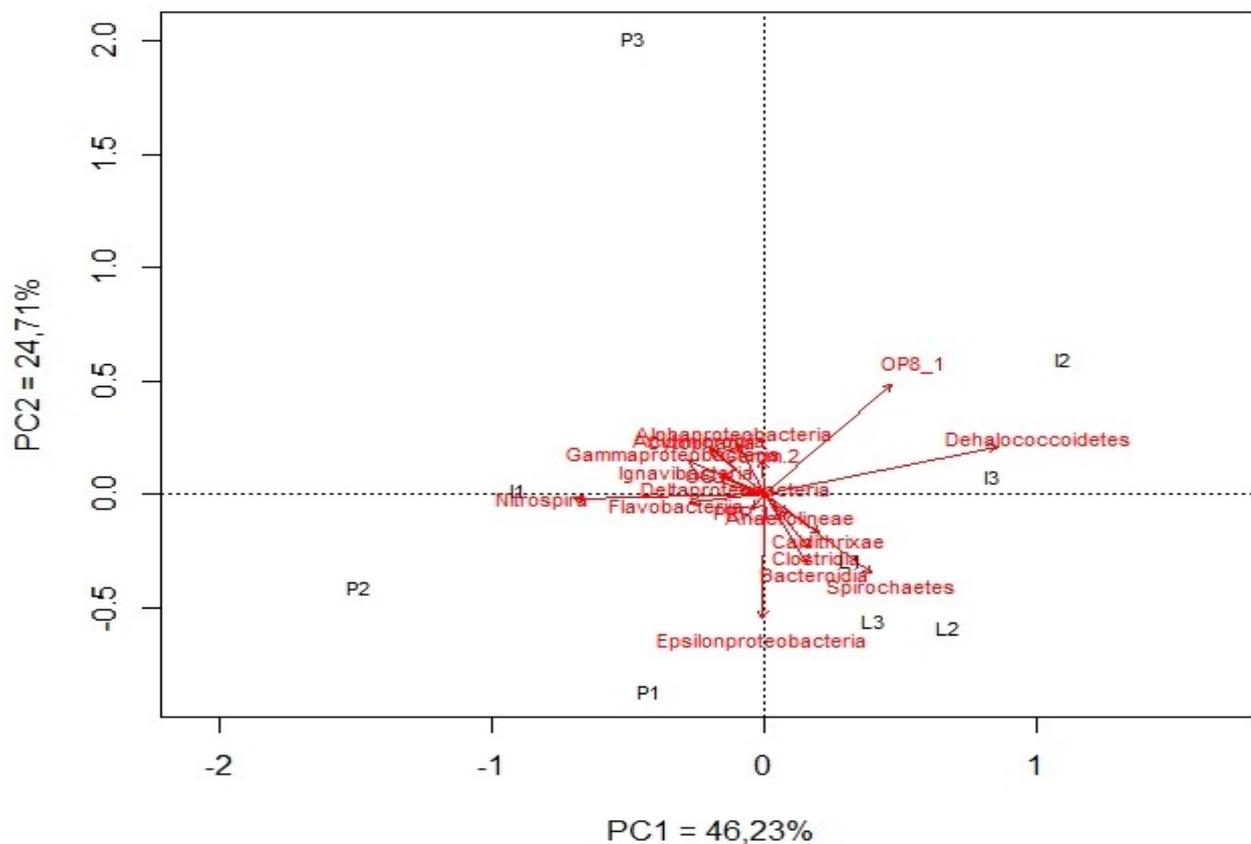


Figura 15 - Representação gráfica da análise de componentes principais (PCA) das classes encontradas nas amostras.



O teste de Mantel indicou que as concentrações de HPA foram significativamente correlacionadas com a comunidade microbiana no nível de filo ( $p=0,0124$ ), significando que áreas com concentrações semelhantes de HPAs apresentaram comunidades com filios parecidos. Para o restante dos dados dos sedimentos e para o nível taxonômico de classe, os resultados não exibiram qualquer padrão de ocorrência espacialmente previsível (Tabela 8).

Tabela 8 - Resultados do Teste de Mantel para a comparação de matrizes de similaridade de Bray-Curtis para HPA, Sedimento, Filo e Classe.

Matrizes	Valor de R	Valor de significância (p)
Hpa x Classe	0,4773	0,0635
Hpa x Filo	0,7323	0,0124
Sedimento x Classe	0,0169	0,4484
Sedimento x Filo	0,0391	0,4013

Ao correlacionar os valores de concentração de HPA com os dados da comunidade microbiana, os filos Cyanobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi e Bacteroidetes apresentaram valor significativo com ao menos 3 dos 16 HPAs analisados (Tabela 9). O filo com o maior número de correlações significativas foi Bacteroidetes, que apresentou majoritariamente correlação negativa com Naftaleno, Acenafteno, Fluoreno, Fenantreno, Antraceno, Fluoranteno, Benzo-a-antraceno, Criseno, Benzo-b-fluoranteno, Benzo-a-pireno, Indeno-1,2,3-de-pireno, Dibenzo-a,h-antraceno e Pireno. Para o filo Acidobacteria houve menos correlações, porém praticamente todas registraram os valores de R mais altos, indicando fortes correlações com Acenaftaleno, Acenafteno, Fluoreno e Antraceno. Ao se analisar o nível taxonômico de classe, Gammaproteobacteria registrou valor negativo em relação a Naftaleno, enquanto OP8\_1 registrou valor positivo para o mesmo HPA. PRR 12 correlacionou positivamente com Bromonaftaleno e Acenafteno. Dehalococcoides registrou um valor fraco, porém significativo, de correlação positiva com Indeno[1,2,3-c,d]pireno. A classe Anaerolineae registrou um maior número de correlações significativas, sendo todas positivas e com os seguintes HPAs: Fenantreno, Fluoranteno, Benzo[a]antraceno, Criseno, Benzo[b]fluoranteno, Benzo[a]pireno, Indeno[1,2,3,c-d]pireno, Dibenzo[a,h]antraceno e Pireno (Tabela 10). Para os dados de sedimentos, os filos Actinobacteria e Firmicutes registraram correlações negativas significativas com o tamanho médio dos grãos das amostras, enquanto Chlorobi e Cyanobacteria apresentaram valores positivos para o mesmo parâmetro. Os grupos GN04 e Gemmatimonadetes registraram correlações negativas com as porcentagens de matéria orgânica (Tabela 11). Para as Classes, Clostridia, Cytophagia e Ignavibacteria foram negativamente correlacionadas aos valores de tamanho médio dos grãos. Clostridia também registrou correlação positiva com os valores de assimetria dos grãos (Tabela 12). Nenhum valor estatisticamente significativo foi registrado para Classes.

Tabela 9 - Valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as variáveis de valores de abundância de filos e concentração de HPAs das amostras.

Valores significativos em negrito.

Filos	NAP	APT	BrNAP	ACE	FLU	PHE	ANT	FOR	BaA	CHR	BbF	BaP	INP	DBA	PYR
GN04	-0.168	0.228	0.156	0.301	0.337	0.337	0.301	0.481	0.445	0.445	0.481	0.481	0.409	0.337	0.409
Firmicutes	0.658	-0.131	0.083	-0.119	0.131	0.131	0.095	-0.131	-0.107	-0.047	-0.131	-0.131	0	0.131	0
Nitrospirae	-0.555	0.457	-0.185	0.481	0.308	0.308	0.284	0.667	0.568	0.568	0.667	0.667	0.469	0.308	0
Spirochaetes	0.433	-0.373	0.397	-0.349	-0.12	-0.12	-0.301	-0.445	-0.337	-0.361	-0.445	-0.448	-0.204	-0.12	-0.204
Caldithrix	-0.204	-0.192	0.409	-0.096	0.18	0.18	-0.048	-0.096	0.048	-0.036	-0.096	-0.096	0.156	0.18	0.156
Gemmatimonadetes	-0.481	-0.108	0.277	-0.843	0.216	0.216	-0.06	-0.012	0.18	0.096	-0.012	-0.012	0.24	0.216	0.24
Chlorobi	-0.742	-0.167	-0.203	-0.071	-0.131	-0.131	-0.119	-0.155	-0.059	-0.119	-0.155	-0.155	-0.107	-0.137	-0.107
Cyanobacteria	0.024	<b>0.216</b>	<b>0.674</b>	<b>0.204</b>	0.409	0.409	0.373	0.072	0.24	0.108	0.072	0.072	0.325	0.409	-0.203
Acidobacteria	-0.048	<b>0.831</b>	<b>0.494</b>	<b>0.927</b>	<b>0.843</b>	0.843	<b>0.879</b>	0.831	0.927	0.867	0.831	0.831	0.867	0.843	0.867
Actinobacteria	0.452	0.261	0.166	0.142	-0.119	-0.119	0	-0.19	-0.142	-0.166	-0.19	-0.19	-0.166	-0.119	-0.166
Chloroflexi	<b>0.547</b>	-0.309	0.119	-0.214	0.071	<b>0.071</b>	-0.119	<b>0</b>	<b>-0.047</b>	<b>0.047</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0.047</b>	<b>0.071</b>	<b>0.047</b>
Bacteroidetes	<b>-0.455</b>	0.506	-0.095	<b>-0.682</b>	<b>-0.586</b>	<b>-0.586</b>	<b>-0.682</b>	<b>-0.766</b>	<b>-0.694</b>	<b>-0.79</b>	<b>-0.766</b>	<b>-0.766</b>	<b>-0.61</b>	<b>-0.588</b>	<b>-0.61</b>
Proteobacteria	-0.571	0.119	-0.571	0.071	-0.119	-0.119	0.071	0.19	0.071	0.095	0.19	0.19	<b>-0.047</b>	-0.119	-0.047

Siglas: NAP = Naftaleno, APT = Acenaftileno, BrNAP = Bromonaftaleno, ACE = Acenafteno, FLU = Fluoreno, PHE = Fenantreno, ANT = Antraceno, FOR = Fluoranteno, BaA = Benzo[a]antraceno, CHR= Criseno, BbF = Benzo[b]fluoranteno, BaP = Benzo[a]pireno, INP = Indeno[1,2,3-c,d]pireno, DBA = Dibenzo[a, h]antraceno, PYR = Pireno

Tabela 10 - Valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as variáveis de valores de abundância de classe e concentração de HPAs das amostras.

Valores significativos em negrito.

Classes	NAP	APT	BrNAP	ACE	FLU	PHE	ANT	FOR	BaA	CHR	BbF	BaP	INP	DBA	PYR
OP8_1	<b>0.874</b>	0.012	0.587	0.096	0.323	0.323	0.12	-0.012	0.096	0.12	-0.012	-0.012	0.228	0.323	0.228
Clostridia	0.578	-0.096	0.145	-0.06	0.193	0.193	0.157	-0.133	-0.06	-0.024	-0.133	-0.133	0.048	0.193	0.048
OS.K	0.049	-0.171	-0.317	-0.049	0	0	0	-0.073	-0.049	0.024	-0.073	-0.073	-0.049	0	-0.049
Cytophagia	-0.747	0.313	0.048	0.289	0.072	0.072	0.096	0.301	0.301	0.205	0.301	0.301	0.205	0.072	0.205
Nitrospira	-0.556	0.457	-0.185	0.482	0.309	0.309	0.284	0.667	0.568	0.568	0.667	0.667	0.469	0.309	0.469
Gemm.2	-0.361	-0.217	0.325	-0.048	0.157	0.157	-0.096	-0.205	0.024	-0.072	-0.205	-0.205	0.12	0.157	0.12
Caldithrixae	-0.205	-0.193	0.41	-0.096	0.181	0.181	-0.048	-0.096	0.048	-0.036	-0.096	-0.096	0.157	0.181	0.157
Ignavibacteria	-0.814	-0.18	-0.311	-0.108	-0.156	-0.156	-0.108	-0.108	-0.06	-0.108	-0.108	-0.108	-0.12	-0.156	-0.12
Spirochaetes	0.381	-0.429	0.381	-0.381	-0.143	-0.143	-0.381	-0.476	-0.357	-0.381	-0.476	-0.476	-0.214	-0.143	-0.214
PRR.12	-0.216	0.695	<b>0.395</b>	<b>0.826</b>	0.778	0.778	0.755	0.826	0.898	0.85	0.826	0.826	0.838	0.778	0.838
Dehalococcoidetes	0.643	-0.214	0.429	-0.143	0.095	0.095	-0.095	-0.167	-0.095	-0.071	-0.167	-0.167	<b>0.024</b>	0.095	0.024
Acidimicrobiia	-0.22	0.756	0.366	0.586	0.073	0.073	0.244	0.195	0.268	0.122	0.195	0.195	0.146	0.073	0.146
Flavobacteriia	-0.524	0.286	-0.095	0.19	-0.19	-0.19	-0.095	-0.071	-0.024	-0.119	-0.071	-0.071	-0.119	-0.19	-0.119
Bacteroidia	0.19	-0.833	-0.095	-0.786	-0.405	-0.405	-0.595	-0.762	-0.69	-0.667	-0.762	-0.762	-0.524	-0.405	-0.524
Anaerolineae	0.619	0.119	0.048	0.238	0.452	<b>0.452</b>	0.286	<b>0.548</b>	<b>0.429</b>	<b>0.571</b>	<b>0.548</b>	<b>0.548</b>	<b>0.476</b>	<b>0.452</b>	<b>0.476</b>
Epsilonproteobacteria	0.143	-0.571	-0.643	-0.524	-0.262	-0.262	-0.238	-0.262	-0.381	-0.238	-0.262	-0.262	-0.333	-0.262	-0.333
Alphaproteobacteria	0.095	-0.167	0.095	-0.238	-0.31	-0.31	-0.286	-0.595	-0.452	-0.524	-0.595	-0.595	-0.405	-0.31	-0.405
Deltaproteobacteria	-0.667	0.262	-0.452	0.262	0	0	0.167	0.452	0.31	0.333	0.452	0.452	0.143	0	0.143
Gammaproteobacteria	<b>-0.85</b>	0.096	-0.491	0.084	-0.216	-0.216	-0.084	0.108	0.048	0.024	0.108	0.108	-0.096	-0.216	-0.096

Siglas: NAP = Naftaleno, APT = Acenaftileno, BrNAP = Bromonaftaleno, ACE = Acenafteno, FLU = Fluoreno, PHE = Fenantreno, ANT = Antraceno, FOR = Fluoranteno, BaA = Benzo[a]antraceno, CHR= Criseno, BbF = Benzo[b]fluoranteno, BaP = Benzo[a]pireno, INP = Indeno[1,2,3-c,d]pireno, DBA = Dibenzo[a, h]antraceno, PYR = Pireno

Tabela 11 - Valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as variáveis de valores de abundância de filos e análises de sedimentos das amostras.

Valores significativos em negrito.

Filo	Média	Mediana	Seleção	Assimetria	Curtose	Areia	Silte	Argila	Carbonato de Cálcio	Matéria Orgânica
GN04	0.43	0.378	-0.143	-0.378	-0.109	-0.127	0.092	0.076	-0.303	<b>-0.092</b>
Firmicutes	<b>-0.641</b>	<b>-0.689</b>	0.319	0.605	0.311	-0.219	0.185	0.311	-0.261	-0.361
Nitrospirae	0.408	0.393	-0.342	-0.205	-0.368	0.528	-0.445	-0.462	0.308	0.351
Spirochaetes	-0.329	-0.185	0.008	0.025	0.462	-0.338	0.269	0.286	-0.244	-0.176
Caldithrix	0.219	0.378	-0.134	-0.412	0.521	-0.177	0.134	0.294	-0.176	<b>-0.084</b>
Gemmatimonadetes	0.46	0.504	-0.067	-0.462	0.244	0.038	0.076	0	0.118	0.092
Chlorobi	<b>0.664</b>	0.695	-0.017	-0.593	0.136	0.119	-0.085	0.203	0.051	-0.068
Cyanobacteria	<b>0.464</b>	0.37	0.252	-0.269	0.403	-0.515	0.487	0.403	-0.277	-0.126
Acidobacteria	0.536	0.168	0.403	0.025	-0.143	-0.325	0.429	0.168	-0.353	-0.261
Actinobacteria	<b>-0.66</b>	<b>-0.778</b>	0.46	0.854	0.126	-0.223	0.251	0.151	-0.126	-0.276
Chloroflexi	-0.243	-0.2	-0.133	-0.033	-0.017	-0.176	0.133	0	-0.233	-0.083
Bacteroidetes	-0.197	0.234	-0.368	-0.251	0.611	0.256	-0.351	0.075	0.343	0.243
Proteobacteria	0.326	0.283	-0.117	-0.15	-0.417	0.46	-0.417	-0.317	0.4	0.283

Tabela 12 - Valores do coeficiente de correlação de Spearman entre as variáveis de valores de abundância de classes e análises de sedimentos das amostras.

Valores significativos em negrito.

Classe	Média	Mediana	Seleção	Assimetria	Curtose	Areia	Silte	Argila	Carbonato de Cálcio	Matéria Orgânica
OP8_1	-0.563	-0.628	0.293	0.485	0.377	-0.513	0.502	0.343	-0.51	-0.435
Clostridia	<b>-0.559</b>	<b>-0.633</b>	0.405	<b>0.582</b>	0.405	-0.28	0.253	0.43	-0.329	-0.456
OS.K	-0.043	-0.186	0.254	0.17	-0.153	0.094	0	0	0.068	-0.136
Cytophagia	<b>0.696</b>	<b>0.79</b>	-0.353	-0.597	-0.101	0.257	-0.244	-0.21	0.227	0.336
Nitrospira	0.408	0.393	-0.342	-0.205	-0.368	0.528	-0.445	-0.462	0.308	0.351
Gemm.2	0.39	0.447	0.051	-0.405	0.439	-0.076	0.16	0.186	0.059	-0.008
Caldithrixae	0.219	0.378	-0.134	-0.412	0.521	-0.177	0.134	0.294	-0.176	-0.084
Ignavibacteria	<b>0.764</b>	0.815	-0.126	-0.714	0.008	0.224	-0.21	0.092	0.168	0.076
Spirochaetes	-0.368	-0.183	-0.05	0.017	0.5	-0.268	0.217	0.233	-0.183	-0.133
PRR.12	0.445	0.218	0.218	-0.059	0.084	-0.277	0.31	0.343	-0.552	-0.427
Dehalococcoidetes	-0.343	-0.317	0.083	0.133	0.283	-0.41	0.367	0.25	-0.383	-0.267
Acidimicrobiia	0	-0.068	0.136	0.356	0	0	0.051	-0.102	0.085	0.085
Flavobacteriia	-0.155	-0.067	0.05	0.326	0.276	0.248	-0.209	0.025	0.184	0
Bacteroidia	-0.427	-0.15	-0.117	-0.05	0.517	0.008	-0.083	0.217	0.067	-0.05
Anaerolineae	-0.351	-0.45	-0.05	0.3	-0.217	-0.05	0.067	-0.133	-0.267	-0.133
Epsilonproteobacteria	-0.343	-0.267	-0.05	0.117	-0.033	0.243	-0.3	0.05	0.067	-0.1
Alphaproteobacteria	-0.351	-0.3	0.267	0.35	0.35	-0.05	0.083	0.133	0.183	-0.033
Deltaproteobacteria	0.552	0.467	-0.167	-0.333	-0.433	0.251	-0.267	-0.083	-0.067	-0.017
Gammaproteobacteria	0.517	0.527	-0.209	-0.368	-0.351	0.466	-0.402	-0.318	0.402	0.31

## 7 DISCUSSÃO

Assim como a maior parte das áreas estuarinas no mundo, a Baía Babitonga vem sofrendo alterações em sua paisagem, regime hidrográfico, qualidade de água e sedimento resultantes da ocupação humana na costa. O impacto de atividades como a construção de estradas e empreendimentos imobiliários, atividade portuária, tráfego de embarcações, atividade industrial, pesca intensiva, aquicultura e práticas agrícolas são registrados para a região (KILCA et al., 2019). Boa parte destes estudos destaca a influência da atividade antrópica sobre a megafauna marinha residente na região (CREMER et al., 2013; HARDT et al., 2010; TURECK et al., 2006), ou ainda sobre a saúde humana (BERTOLI; ZANOTELLI, 2009). Apesar de desempenhar um papel primordial para a manutenção dos ecossistemas, pouco se sabe sobre as comunidades microbianas da região, especialmente as bactérias associadas aos sedimentos de manguezal. Nestes ecossistemas, as comunidades microbianas garantem a manutenção e produtividade dos bosques de mangue e de níveis tróficos superiores por meio de suas atividades nos ciclos biogeoquímicos. Desta forma, descrever a diversidade da comunidade bacteriana dos sedimentos do manguezal da Baía Babitonga é primordial para se avaliar o estado de preservação dos bosques, bem como para se definir estratégias de manutenção ou recuperação deste ecossistema. Este estudo caracterizou a microbiota dos sedimentos de três estações de coleta do manguezal da Baía Babitonga expostas a diferentes perturbações decorrentes da ocupação humana no estuário.

Os sedimentos e a geomorfologia das áreas da região do entremarés dependem do suprimento de sedimentos, alcance das marés, força das ondas e outros fatores (EISMA et al., 1998). De maneira geral, a complexidade estrutural dos bosques de manguezais levam ao aumento da sedimentação nas zonas em que ocorrem estes ecossistemas (QUARTEL et al., 2007; VAN SANTEN et al., 2007). A rede densa e rígida de hastes, galhos e raízes aéreas causa aumento da rugosidade do fundo que resulta na redução de correntes e atenuação das ondas (QUARTEL et al., 2007). Apesar da ocorrência generalizada desses ambientes costeiros tropicais e de sua capacidade relatada de promover sedimentação, poucos estudos descreveram sua sedimentologia em detalhes (WALSH; NITTRouer, 2004). Os resultados da análise granulométrica do programa Sysgran para este estudo revelaram valores de curtose variando entre as classificações platicúrtica e leptocúrtica. Sedimentos com curvas platicúrticas refletem áreas com menor movimentação de sedimentos de fundo, enquanto curvas leptocúrticas parecem estar associadas a áreas com maior transporte e movimentação de sedimentos

(CAMARGO, 2006). A classificação leptocúrtica foi registrada para todos os pontos da praia do Lixo, onde também ocorreram os maiores diâmetros médios de grãos. Este pode ser um indicativo de perturbação no ecossistema, levando-se em consideração que camadas arenosas em manguezais podem ser o resultado da ação de erosão, ação hídrica ou ação eólica de áreas próximas a estes ecossistemas (SOUZA-JÚNIOR et al., 2007). No entanto, os valores de seleção de praticamente todos os pontos indicaram grãos pobremente selecionados. Esta característica é típica de áreas com distribuição de sedimento heterogêneas, sujeitas à deposição dos sedimentos e de baixa energia hidrodinâmica como manguezais e planícies estuarinas (VIEIRA et al., 2008). Somado a isto os valores de assimetria, em grande parte positivos ou aproximadamente simétricos, também indicam áreas de baixo grau de energia, tipicamente estuarinas. Ainda, registrou-se altos valores médios de matéria orgânica e carbonato de cálcio, típicas de sedimentos de manguezais. Sedimentos do ecossistema de manguezal são tipicamente compostos por grãos finos, de característica aquosa e predominantemente anóxicos devido à fraca drenagem em seus bosques (HOGARTH, 2007). Devido à grande produção acima do solo, o sedimento é caracterizado pelo alto conteúdo de matéria orgânica (KRISTENSEN, 2008) derivado da serapilheira depositada na superfície, como propágulos e folhas e crescimento extensivo de raízes abaixo da superfície (HOLGUIN; VAZQUEZ; BASHAN, 2001). A análise de componentes principais confirmou estas observações ao agrupar os pontos que apresentaram somente uma variável com valores ligeiramente diferentes do restante dos outros pontos, como o caso do ponto L2 que foi relacionado ao maior valor de porcentagem de carbonato de cálcio, porém apresentou todas as outras características semelhantes aos demais pontos.

O sequenciamento das amostras revelou a dominância do filo Proteobacteria em todas as estações de coleta, seguido de Bacteroidetes, Chloroflexi e Actinobacteria. Os resultados apresentam um perfil taxonômico consistente e similar a outros estudos realizados na costa do Brasil (ANDREOTE et al., 2012; CABRAL et al., 2016; DIAS et al., 2010; DO CARMO et al., 2011) e em manguezais de países asiáticos (FERNANDES et al., 2014; IMCHEN et al., 2018; IMCHEN; KUMAVATH; BARH; AVEZEDO; et al., 2017; LUO; GU, 2018; RAMPADARATH et al., 2018; WU, P. et al., 2016). Os maiores valores de abundância relativa de grupos pertencentes ao filo Proteobacteria já eram esperados, levando-se em consideração que este filo apresenta grupos bastante diversos em relação a atividade metabólica (CHAKRABORTY et al., 2015; DO CARMO et al., 2011). A ocorrência do filo é bastante ampla, sendo que há registros deste grupo para zonas

costeiras (PAISSÉ et al., 2008), plataforma continental (HUNTER; MILLS; KOSTKA, 2006) e até sedimentos da região antártica (REED et al., 2009). A classe Gammaproteobacteria predomina em ambientes marinhos (BIBI et al., 2017) e parece ter uma preferência por altas concentrações de nutrientes (PINHASSI; BERMAN, 2003). Fernandes e colaboradores (2014) registraram a classe como a mais abundante para um manguezal antropizado na Índia e associaram esta dominância com a capacidade deste grupo modular o excesso de nitrogênio na área de coleta. A classe Deltaproteobacteria parece dominar nos sedimentos anóxicos e após eventos de derrame de óleo em manguezais, portanto, altos valores de abundância podem ser um indicativo de perturbação nestes ecossistemas (COTTA et al., 2019; ANDREOTE et al., 2012; DOS SANTOS et al., 2011; DIAS et al., 2010) Em quatro manguezais do Brasil, as classes Deltaproteobacteria e Gammaproteobacteria também foram dominantes e esta dominância foi associada às condições anaeróbicas do sedimento que levam à seleção de grupos específicos (ANDREOTE et al., 2012).

As bactérias pertencentes ao filo Bacteroidetes são uma parcela expressiva do bacterioplâncton dos sedimentos em áreas costeiras (IKENAGA et al., 2010) e estão distribuídas em diversos ambientes marinhos como águas oceânicas, sedimentos e fontes hidrotermais (FERNÁNDEZ-GÓMEZ et al., 2013; STOKKE et al., 2015). É um filo com ampla plasticidade funcional, destacando-se a degradação de celulose (LINO et al., 2013; SOARES et al., 2012), hidrocarbonetos (CABRAL et al., 2016), redução de nitrato (INOUE et al., 2015) e produção de antibióticos (AL-AMOUDI et al., 2016). Já Chloroflexi é um filo tipicamente associado a ambientes de condições extremas (DOLAN et al., 2005), frequentemente encontrado nas porções mais internas dos sedimentos de manguezal (WU et al., 2016) onde realiza parte da decomposição da matéria orgânica através de processos anaeróbicos (BIDERRE-PETIT et al., 2016). Em um estudo na China, ambos os filios registraram altos valores de abundâncias em manguezais desprotegidos (YUN; DENG; ZHANG, 2017). Bacteroidetes e Chloroflexi foram dois filios dominantes especialmente nos pontos da estação Iperoba. Este dado pode ser um indicativo da interação complexa das diferentes variáveis ambientais às quais os manguezais estão sujeitos, já que se esperava que a região do Iperoba apresentasse uma comunidade mais associada a ambientes conservados.

Apesar da dominância dos mesmos grupos principais em todos os pontos, as análises de alfa e beta diversidade indicam uma composição da comunidade bacteriana estatisticamente diferente entre as estações de coleta. Esta diferença possivelmente se

deu pela composição da biosfera rara (SOGIN et al., 2006), considerada como o grupo de táxons menos abundantes encontrados em uma determinada amostra ambiental em um determinado momento (LYNCH; NEUFELD, 2015). Estes organismos podem ser indicativos das condições do ambiente e podem dominar caso as condições ambientais se tornem ideais para seu desenvolvimento. De maneira geral, os grupos com valores menores de abundância relativa dominaram exclusivamente ou com maior variância em somente uma estação. Dehalococcoidetes, por exemplo, ocorreu com valores mais altos na estação do Iperoba, enquanto Clostridia dominou na Praia do Lixo. Novamente, estas bactérias têm grande importância no ciclo do nitrogênio convertendo nitrogênio orgânico em amônia (BIDERRE-PETIT et al., 2016).

As concentrações dos 16 hidrocarbonetos policíclicos aromáticos foram estatisticamente semelhantes em todas as estações de coleta. Este resultado sugere que as atividades humanas na Baía Babitonga possivelmente influenciam toda a região. O bom estado de preservação do bosque do Iperoba, não pôde ser utilizado como parâmetro de conservação da região, já que seus sedimentos registraram valores de concentração tão altos quando as estações da Praia do Lixo e Porto. Os HPAs têm baixa solubilidade em água e sedimentam rapidamente, o que impede sua utilização por bactérias na coluna d'água e gera o acúmulo destes poluentes nos sedimentos marinhos (JOHNSEN; WICK; HARMS, 2005; LIN et al., 2017). As bactérias de sedimentos são extremamente sensíveis a poluentes, mesmo em baixas concentrações, e fornecem respostas rápidas sobre o grau ou o efeito das atividades antrópicas nos ecossistemas (AHMAD et al., 2019). Estes organismos apresentam uma ampla plasticidade funcional e metabólica, sendo utilizados como indicadores de saúde ambiental (COTTA et al., 2019). Estudos em diversos manguezais afetados pela deposição de HPAs indicam que sedimentos contaminados contêm grupos bacterianos semelhantes dominando os valores de abundância da comunidade (GHOSH et al., 2010; HEAD; JONES; RÖLING, 2006; IMCHEN et al., 2018). Este padrão também parece ocorrer na Baía Babitonga, visto que os resultados do teste de Mantel apontam para a influência das concentrações de HPA sobre os filós identificados neste trabalho. A presença dos HPAs pode modular a comunidade favorecendo microrganismos que os utilizam como fonte de carbono (HEAD; JONES; RÖLING, 2006). Em contrapartida, poluentes orgânicos também representam uma ameaça tóxica aos microrganismos e, portanto, reduzem a abundância de espécies (JOHNSTON; LEFF, 2014). O filo Bacteroidetes tende a diminuir em solos contaminados (ZHOU et al., 2009). Em manguezais da China, o número de bactérias afiliadas a

Bacteroidetes diminuiu rapidamente após acidentes de derramamento de petróleo, havendo registros de que este grupo é rapidamente substituído por grupos de bactérias degradadoras de hidrocarbonetos (HARAYAMA; KASAI; HARA, 2004). Este padrão é consistente com os resultados das análises de correlação para Bacteroidetes neste estudo, já que dos 16 HPAs analisados, 13 parecem influenciar fortemente a presença destes organismos. Outro grupo relevante foi Cyanobacteria, bastante comum em sedimentos superficiais de manguezais, realizando parte dos processos de produção primária e fixação e disponibilização de nitrogênio (RIGONATO et al., 2018). De maneira geral, as cianobactérias são afetadas direta e negativamente ao entrarem em contato com poluentes (ACOSTA-GONZÁLEZ et al., 2015), porém este trabalho registrou valores de correlação positivos do grupo quando comparados com Acenaftaleno, Bromonaftaleno e Acenafteno. Rigonato e colaboradores (2018), indicam que os organismos pertencentes a Cyanobacteria podem responder segundo modelos determinísticos, onde podem apresentar dinâmica temporal diferente da comunidade geral, mesmo em locais com condições ambientais similares. Desta forma, pode haver alguma característica dos sedimentos não explorada neste trabalho que favorece o crescimento do grupo. Apesar de ocorrer em menor abundância nas amostras, o filo Acidobacteria registrou fortes valores de correlação positivos para 5 HPAs analisados (Acenaftileno, Bromonaftaleno, Acenafteno, Fluoreno e Antraceno). Este registro é incomum, pois o filo parece ser sensível a diversos xenobióticos, por sua presença raramente ser associada entre os grupos microbianos dominantes de sedimentos contaminados (GEORGE et al., 2009). Ainda, o grupo parece ser dominante em manguezais preservados (GONG et al., 2019).

A principal função da comunidade microbiana em sedimentos se dá no processamento e recuperação de nutrientes essenciais a partir do input de detritos e matéria orgânica acumulada. A produção de enzimas extracelulares pelas bactérias é essencial para transformar compostos orgânicos complexos em nutrientes assimiláveis. A atividade enzimática em sedimentos pode ser um indicativo da diversidade funcional, já que é um descritor das condições de qualidade dos sedimentos e das interações dos microrganismos que habitam nos mesmos (DICK et al., 1997). As estações de coleta no manguezal da Baía Babitonga apresentaram perfis de atividade enzimática semelhantes, apesar da composição taxonômica das comunidades ser diferente. Este é um indicativo de que pode haver uma redundância funcional no ambiente. Ou seja, a execução das mesmas funções no ecossistema é realizada por diferentes grupos, assumindo-se que mesmo com a perda de uma ou mais espécies, outras assumiriam suas funções

(JURBURG et al., 2017). Esta característica é amplamente registrada em sedimentos de diversos ecossistemas, como florestas tropicais (CHAER et al., 2009; CHAPMAN; TOLHURST, 2007; COTTA et al., 2019) e região antártica (VINCENT, 2000). Mesmo com forte perspectiva de se manterem estáveis, estudos demonstram que os sedimentos têm limites de resposta a mudanças ambientais e que seus microrganismos são frequentemente endêmicos (DIAS et al., 2012; SOARES-JUNIOR et al., 2013). Neste sentido, alguns ecossistemas funcionam em equilíbrio somente no ambiente original, resultante da coevolução de microrganismos e suas adaptações às condições ambientais (KEISER et al., 2011; PAGALING et al., 2014).

## 8 CONCLUSÃO

Este trabalho avaliou a diversidade da comunidade bacteriana em três áreas de coleta no manguezal da Baía Babitonga e gerou informações que permitem concluir que:

- As diferenças detectadas na comunidade microbiana do manguezal da Baía Babitonga já indicam que fatores abióticos naturais ou de origem humana influenciam os grupos bacterianos dentro da mesma área de manguezal.
- O perfil taxonômico das amostras foi semelhante a de outros estudos realizados em manguezais brasileiros e de outros países, com dominância dos filos Proteobacteria, Bacteroidetes, Chloroflexi e Actinobacteria.
- A diversidade funcional, mensurada aqui por valores de atividade enzimática, não apresentou diferenças estatísticas, sendo um indicativo de redundância funcional no ecossistema.
- A concentração de HPAs foi similar em todos os pontos, independentemente do tipo de interferência humana predominante em cada estação de coleta.
- O filo Bacteroidetes registrou correlações negativas com 14 dos 15 HPAs descritos neste trabalho.
- Os filos Chloroflexi, Acidobacteria e Cyanobacteria também registraram valores de correlação significativos com alguns dos HPAs encontrados nas amostras.
- Para os dados de sedimento, os filos GN04, Firmicutes, Chlorobi, Cyanobacteria e Actinobacteria foram significativamente correlacionados com os atributos de Média, Mediana e percentuais de matéria orgânica.

A determinação da composição microbiana dentro de um manguezal é fundamental, pois os microrganismos podem ser usados como indicadores de mudanças ambientais. Os resultados gerados neste trabalho representam um avanço significativo nesta direção, gerando dados iniciais para a caracterização da microbiota do manguezal da Baía Babitonga e ressaltando a importância da realização de mais trabalhos para servir de subsídio a políticas de conservação ou recuperação do maior estuário de Santa Catarina.

## 9 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDEL-SHAFY, H. I.; MANSOUR, M. S. M. A review on polycyclic aromatic hydrocarbons: Source, environmental impact, effect on human health and remediation. **Egyptian Journal of Petroleum**, v. 25, n. 1, p. 107–123, 2016.

ACOSTA-GONZÁLEZ, A. et al. The effect of oil spills on the bacterial diversity and catabolic function in coastal sediments: a case study on the Prestige oil spill. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 22, n. 20, p. 15200–15214, 2015.

ACOSTA-MARTÍNEZ, V.; TABATABAI, M. A. Enzyme activities in a limed agricultural soil. **Biology and Fertility of Soils**, v. 31, p. 85–91, 2000.

AGOSTINHO, A. et al. Conservation of the Biodiversity of Brazil Inland Waters. **Conservation Biology**, v. 19, n. 3, p. 646–652, 2005.

AHMAD, M. et al. The distinct response of phenanthrene enriched bacterial consortia to different PAHs and their degradation potential: a mangrove sediment microcosm study. **Journal of Hazardous Materials**, p. 120863, 2019.

AHMED, K. et al. Heavy metal concentrations in some macrobenthic fauna of the Sundarbans mangrove forest, south west coast of Bangladesh. **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 177, n. 1–4, p. 505–514, 2011.

AL-AMOUDI, S. et al. Metagenomics as a preliminary screen for antimicrobial bioprospecting. **Gene**, v. 594, n. 2, p. 248–258, 2016.

ALMEIDA, W. I. et al. Archaeal and bacterial communities of heavy metal contaminated acidic waters from zinc mine residues in Sepetiba Bay. **Extremophiles**, v. 13, n. 2, p. 263–271, 2009.

ALONGI, D. Abundances of benthic microfauna in relation to outwelling of mangrove detritus in a tropical coastal region. **Marine Ecology Progress Series**, v. 63, n. MAY 1990, p. 53–63, 1990.

ALONGI, D. Paradigm shifts in mangrove biology. **Coastal Wetlands An Integrated Ecosystem Approach**, p. 615–640, 2009. Disponível em:

ALONGI, D. Carbon cycling and storage in mangrove forests. **Annual review of marine science**, v. 6, p. 195–219, 2014. Disponível em:  
<<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24405426>>.

ALONGI, D. Mangrove-microbe-soil relations. p. 85–103, 2005.

ALONGI, D. Mangrove forests: Resilience, protection from tsunamis, and responses to global climate change. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, v. 76, n. 1, p. 1–13, 2008.

ALONGI, D. Present state and future of the world's mangrove forests. **Environmental Conservation**, v. 29, n. 3, p. 331–349, 2002.

- ALONGI, D. The Impact of Climate Change on Mangrove Forests. **Curr Clim Change Rep**, v. 1, p. 30–39, 2015.
- ALVES, A. C. L. et al. Interpretation of Microbial Soil Indicators as a Function of Crop Yield and Organic Carbon. **Soil Science Society of America Journal**, v. 77, n. 2, p. 461, 2013.
- ANDREOTE, F. D. et al. The microbiome of Brazilian mangrove sediments as revealed by metagenomics. **PLoS ONE**, v. 7, n. 6, 2012.
- AON, M. A.; COLANERI, A. C. II. Temporal and spatial evolution of enzymatic activities and physico-chemical properties in an agricultural soil. **Applied Soil Ecology**, v. 18, p. 255–270, 2001.
- BALOTA, E. L. et al. Enzimas e seu papel na qualidade do solo. **Tópicos em Ciência do Solo**, n. 8, p. 189–249, 2013.
- BALTAR, F. et al. Response of rare, common and abundant bacterioplankton to anthropogenic perturbations in a Mediterranean coastal site. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 91, n. 6, p. 1–37, 2015.
- BANDICK, A. K.; DICK, R. P. Field management effects on soil enzyme activities. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 31, p. 1471–1479, 1999.
- BASAK, P. et al. Bacterial diversity assessment of pristine mangrove microbial community from dhulibhashani, sundarban using 16S rRNA gene tag sequencing. **Genomics Data**, v. 7, p. 76–78, 2015.
- BASAK, P. et al. Spatiotemporal Analysis of Bacterial Diversity in Sediments of Sundarbans Using Parallel 16S rRNA Gene Tag Sequencing. **Microbial Ecology**, v. 69, n. 3, p. 500–511, 2014.
- BAYEN, S. Occurrence, bioavailability and toxic effects of trace metals and organic contaminants in mangrove ecosystems: A review. **Environment International**, v. 48, p. 84–101, 2012.
- BEHERA, P. et al. Spatial and temporal heterogeneity in the structure and function of sediment bacterial communities of a tropical mangrove forest. 2018.
- BERTOLI, G. B.; ZANOTELLI, C. T. Relação Da Ocupação Do Manguezal Com Aspectos De Saúde Da População Do Bairro Vila Cubatão, Joinville, Sc. **Holos Environment**, v. 9, n. 2, p. 236–253, 2009.
- BEZERRA, F. J. O bosque de mangues e a pesca artesanal no Distrito de Acupe (Santo Amaro, Bahia): uma abordagem etnoecológica. **Acta Scientiarum. Biological Sciences**, v. 30, n. 3, 9 out. 2008.
- BIBI, F. et al. Diversity and bioprospecting potential of rhizo and endophytic bacteria from two mangrove plants in Saudi Arabia. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, p. 1–12, 2017.

- BIDERRE-PETIT, C. et al. Distribution of Dehalococcoidia in the anaerobic deep water of a remote meromictic crater lake and detection of Dehalococcoidia-derived reductive dehalogenase homologous genes. **PLoS ONE**, v. 11, n. 1, p. 1–19, 2016.
- BISINELA, G. C.; ANDRADE, T. R.; CREMER, M. J. Ecologia reprodutiva de *Nyctanassa violacea*, *Egretta thula* e *Egretta caerulea* no ninhal do rio Pedreira, Santa Catarina. **Biotemas**, v. 27, n. 3, p. 109–121, 2014.
- BUSTO, M. D.; PEREZ-MATEOS, M. Characterization of B-D-glucosidase extracted from soil fractions. **European Journal of Soil Science**, v. 51, p. 193–200, 2000.
- CABRAL, L. et al. Anthropogenic impact on mangrove sediments triggers differential responses in the heavy metals and antibiotic resistomes of microbial communities. **Environmental Pollution**, v. 216, p. 460–469, 2016.
- CABRAL, L. et al. Microbial functional responses to long-term anthropogenic impact in mangrove soils. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 160, n. April, p. 231–239, 2018.
- CAI, L. et al. Biased Diversity Metrics Revealed by Bacterial 16S Pyrotags Derived from Different Primer Sets. **PLoS ONE**, v. 8, n. 1, p. 1–11, 2013.
- CALDWELL, B. A. Enzyme activities as a component of soil biodiversity: A review. **Pedobiologia**, v. 49, n. 6, p. 637–644, 2005.
- CAMARGO, M. G. de. Sysgran: Um sistema de código aberto para análises granulométricas do sedimento. **Revista Brasileira de Geociências**, v. 36, n. 2, p. 371–378, 2016.
- CAVALCANTE, R. M. et al. The impact of urbanization on tropical mangroves (Fortaleza, Brazil): Evidence from PAH distribution in sediments. **Journal of Environmental Management**, v. 91, n. 2, p. 328–335, 2009.
- CHAER, G. et al. Comparative resistance and resilience of soil microbial communities and enzyme activities in adjacent native forest and agricultural soils. **Microbial Ecology**, v. 58, n. 2, p. 414–424, 2009.
- CHAKRABORTY, A. et al. Changing bacterial profile of Sundarbans, the world heritage mangrove: Impact of anthropogenic interventions. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 31, n. 4, p. 593–610, 2015. .
- CHAKRABORTY, P. et al. Changes in metal contamination levels in estuarine sediments around India - An assessment. **Marine Pollution Bulletin**, v. 78, n. 1–2, p. 15–25, 2014.
- CHAKRABORTY, S. et al. A detailed analysis of 16S ribosomal RNA gene segments for the diagnosis of pathogenic bacteria. **Journal of Microbiological Methods**, v. 69, n. 2, p. 330–339, 2007.
- CHAMBERS, L. G. et al. Effects of Salinity and Inundation on Microbial Community Structure and Function in a Mangrove Peat Soil. **Wetlands**, v. 36, n. 2, p. 361–371, 2016.

- CHAO, A. et al. Abundance-based similarity indices and their estimation when there are unseen species in samples. **Biometrics**, v. 62, n. 2, p. 361–371, 2006.
- CHAPMAN, M. G.; TOLHURST, T. J. Relationships between benthic macrofauna and biogeochemical properties of sediments at different spatial scales and among different habitats in mangrove forests. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, v. 343, n. 1, p. 96–109, 2007.
- CHAVES, P.; BOUCHEREAU, J. L. Use of mangrove habitat for reproductive activity by the fish assemblage in the Guaratuba Bay, Brazil. **Oceanologica Acta**, v. 23, n. 3, p. 273–280, 2000.
- CHEN, B. et al. An assessment on restoration of typical marine ecosystems in china - Achievements and lessons. **Ocean and Coastal Management**, v. 57, p. 53–61, 2012.
- CHEN, G. C.; YE, Y. Restoration of *Aegiceras corniculatum* mangroves in Jiulongjiang Estuary changed macro-benthic faunal community. **Ecological Engineering**, v. 37, n. 2, p. 224–228, 2011.
- CINTRÓN-MOLERO, G.; SCHAEFFER-NOVELLI, Y. Methods for studying mangrove structure. In: SNEDAKER, S. C.; SNEDAKER, J. G. (Org.). **Mangrove Ecosyst. Res. methods**. Paris: UNESCO, 1984. p. 91–113.
- CLOUGH, B. E. Primary Productivity and Growth of Mangrove Forests. In: ROBERTSON, A. I.; ALONGI, D. M. (Org.). **Coast. Estuar. Stud. Trop. Mangroves**. [S.l.]: American Geophysical Society, 1992. v. 41. p. 225–249.
- COLARES, G. B.; MELO, V. M. M. Relating microbial community structure and environmental variables in mangrove sediments inside *Rhizophora mangle* L. habitats. **Applied Soil Ecology**, v. 64, p. 171–177, 2013.
- CONDRON, L. M.; TURNER, B. L.; CADE-MENUN, B. J. Chemistry and Dynamics of Soil Organic Phosphorus. In: SIMS, T.; SHARPLEY, A. N. (Org.). **Phosphorus Agric. Environ.** Madison: American Society of Agronomy, 2005. p. 87–121.
- CONSEMA/002. Lista Oficial de Especies da Fauna Ameaçadas de extinção no Estado de Santa Catarina. 2011.
- COTTA, S. R. et al. Exploring bacterial functionality in mangrove sediments and its capability to overcome anthropogenic activity. **Marine Pollution Bulletin**, v. 141, n. February, p. 586–594, 2019.
- CREMER, M. J. et al. Franciscana strandings on the north coast of Santa Catarina State and insights into birth period. **Biotemas**, v. 26, n. 4, p. 133–139, 2013.
- CREMER, M. J.; MORALES, P. R. D.; OLIVEIRA, T. M. N. de. **Diagnóstico ambiental da Baía da Babitonga**. [S.l.: s.n.], 2006.
- DA NÓBREGA ALVES, R. R.; NISHIDA, A. K. Aspectos socioeconômicos e percepção ambiental dos catadores de caranguejo-uçá *Ucides cordatus cordatus* (L. 1763)

(decapoda, brachyura) do estuário do Rio Mamanguape, nordeste do Brasil. **Interciencia**, v. 28, n. 1, p. 36- 43+59, 2003.

DAS, S. K.; VARMA, A. Role of Enzymes in Maintaining Soil Health. **Soil Enzymology**, p. 25–42, 2011.

DAT, N. D.; CHANG, M. B. Review on characteristics of PAHs in atmosphere, anthropogenic sources and control technologies. **Science of the Total Environment**, v. 609, p. 682–693, 2017.

DE ALMEIDA, M. et al. Distribution and sources of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in surface sediments of a Tropical Bay influenced by anthropogenic activities (Todos os Santos Bay, BA, Brazil). **Marine Pollution Bulletin**, v. 137, n. March, p. 399–407, 2018.

DE ANDRADE, S. J. et al. Contribution of sugar-cane harvesting season to atmospheric contamination by polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in Araraquara city, Southeast Brazil. **Atmospheric Environment**, v. 44, n. 24, p. 2913–2919, 2010.

DE LA ROSA- ACOSTA, M. et al. Bacteria as Potential Indicators of Heavy Metal Contamination in a Tropical Mangrove and the Implications on Environmental and Human Health. **Journal of Tropical Life Science**, v. 5, n. 3, p. 110–116, 2015.

DEMORI, J. **Análise da contaminação por metais pesados na Baía da Babitonga - SC**. 2008. 94 f. Universidade do Vale do Itajaí, 2008.

DIAS, A. C. F. et al. The bacterial diversity in a Brazilian non-disturbed mangrove sediment. **Antonie van Leeuwenhoek**, v. 98, n. 4, p. 541–551, 2010.

DIAS, A. C. F.; PEREIRA E SILVA, M. de C.; et al. Abundance and genetic diversity of nifH gene sequences in anthropogenically affected Brazilian Mangrove sediments. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 78, n. 22, p. 7960–7967, 2012.

DIAS, A. C. F. et al. Archaeal communities in the sediments of three contrasting mangroves. **Journal of Soils and Sediments**, v. 11, n. 8, p. 1466–1476, 2011.

DIAS, A. C. F.; TAKETANI, R. G.; et al. Interspecific variation of the bacterial community structure in the phyllosphere of the three major plant components of mangrove forests. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 43, n. 2, p. 653–660, 2012.

DICK, R. P. et al. Soil enzyme activities as integrative indicators of soil health. **Biological indicators of soil health**, p. 121–156, 1997.

DO CARMO, F. L. et al. Bacterial structure and characterization of plant growth promoting and oil degrading bacteria from the rhizospheres of mangrove plants. **Journal of Microbiology**, v. 49, n. 4, p. 535–543, 2011.

DOLAN, C. J. R. et al. Biogeography of aquatic microbes An introduction to the biogeography of aquatic microbes. v. 41, n. Longhurst 1998, p. 39–48, 2005.

- DORAN, J. W.; ZEISS, M. R. Soil health and sustainability: managing the biotic component of soil quality. **Applied Soil Ecology**, v. 15, p. 3–11, 2000.
- DOS SANTOS, H. F. et al. Mangrove bacterial diversity and the impact of oil contamination revealed by pyrosequencing: Bacterial proxies for oil pollution. **PLoS ONE**, v. 6, n. 3, p. 1–8, 2011.
- EISMA, D. et al. **Intertidal deposits: river mouths, tidal flats, and coastal lagoons**. 402, CRC, 1998.
- FAO, Food and Agriculture Organization, **The World's Mangroves 1980-2005**. . [S.l: s.n.], 2007.
- FELLER, I. C. et al. Biocomplexity in mangrove ecosystems. **Annual review of marine science**, v. 2, p. 395–417, 2010.
- FERNANDES, S. O. et al. Bacterial diversity in relatively pristine and anthropogenically-influenced mangrove ecosystems (Goa, India). **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 45, n. 4, p. 1161–1171, 2014.
- FERNÁNDEZ-GÓMEZ, B. et al. Ecology of marine bacteroidetes: A comparative genomics approach. **ISME Journal**, v. 7, n. 5, p. 1026–1037, 2013.
- FERREIRA, A. C.; LACERDA, L. D. Degradation and conservation of Brazilian mangroves, status and perspectives. **Ocean and Coastal Management**, v. 125, p. 38–46, 2016.
- FERREIRA, E. P. de B.; STONE, L. F.; MARTIN-DIDONET, C. C. G. Population and microbial activity of the soil under an agro-ecological production system. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 48, n. 1, p. 22–31, 2017.
- FERREIRA, T. O. et al. Are mangrove forest substrates sediments or soils? A case study in southeastern Brazil. **Catena**, v. 70, p. 79–91, 2007.
- FERREIRA, T. O. et al. Spatial patterns of soil attributes and components in a mangrove system in Southeast Brazil (São Paulo). **Journal of Soils Sediments**, v. 10, p. 995–1006, 2010.
- FOLK, R. L.; WARD, W. C. Brazos River Bay: Study of the significance of grain size parameters. **Journal of Sedimentary Petrology**, v. 27, p. 3–27, 1957.
- FURUKAWA, K.; WOLANSKI, E.; MUELLER, H. Currents and Sediment Transport in Mangrove Forests. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, v. 44, n. 3, p. 301–310, 1997.
- GEORGE, I. F. et al. Changes in soil Acidobacteria communities after 2,4,6-trinitrotoluene contamination. **FEMS Microbiology Letters**, v. 296, n. 2, p. 159–166, 2009.
- GERHARDINGER, L.C. et al. Collaborative approach in the study of the reproductive biology of the dusky grouper *Epinephelus marginatus* (Lowe, 1834)(Perciformes: Serranidae). **Acta Scientiarum-Biological Sciences**, v. 28, n. 3, p. 219–226, 2006.

- GERHARDINGER, L. C. et al. Fishers' resource mapping and goliath grouper *Epinephelus itajara* (Serranidae) conservation in Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 7, n. 1, p. 93–102, 2009.
- GHOSH, A. et al. Culture independent molecular analysis of bacterial communities in the mangrove sediment of Sundarban, India. **Saline systems**, v. 6, n. 1, p. 1, 2010.
- GODOY, M. D. P.; DE LACERDA, L. D. Mangroves Response to Climate Change: A Review of Recent Findings on Mangrove Extension and Distribution. **An Acad Bras Cienc Annals of the Brazilian Academy of Sciences**, v. 87, n. 872, p. 651–667, 2015.
- GOMES, N. C. M. et al. Assessing variation in bacterial composition between the rhizospheres of two mangrove tree species. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, v. 139, p. 40–45, 2014.
- GONG, B. et al. High-throughput sequencing and analysis of microbial communities in the mangrove swamps along the coast of Beibu Gulf in Guangxi, China. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1–10, 2019.
- GRASPEUNTNER, S. et al. Selection of validated hypervariable regions is crucial in 16S-based microbiota studies of the female genital tract. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, p. 4–10, 2018.
- GROSE, A. V.; HILLEBRANT, C. C.; CREMER, M. J. Diversidade e abundância sazonal da avifauna em duas planícies de maré no estuário da baía da Babitonga, norte de Santa Catarina. **Iheringia. Série Zoologia**, v. 103, n. 1, p. 5–11, 2013.
- HARAYAMA, S.; KASAI, Y.; HARA, A. Microbial communities in oil-contaminated seawater. **Current Opinion in Biotechnology**, v. 15, n. 3, p. 205–214, 2004.
- HARDT, F. A. S. et al. Residence patterns of the Guiana dolphin *Sotalia guianensis* in Babitonga bay, south coast of Brazil. **Latin American Journal of Aquatic Mammals**, v. 8, n. 1–2, p. 117–121, 2010.
- HARITASH, A. K.; KAUSHIK, C. P. Biodegradation aspects of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs): A review. **Journal of Hazardous Materials**, v. 169, n. 1–3, p. 1–15, 2009.
- HEAD, I. M.; JONES, D. M.; RÖLING, W. F. M. Marine microorganisms make a meal of oil. **Nature Reviews Microbiology**, v. 4, n. March, p. 173–182, 2006.
- HOGARTH, P. J. **The biology of mangroves and seagrasses**. 2nd editio ed. [S.I.]: Oxford University Press, 2007.
- HOLGUIN, G.; VAZQUEZ, P.; BASHAN, Y. The role of sediment microorganisms in the productivity, conservation, and rehabilitation of mangrove ecosystems: an overview. **Biology and Fertility of Soils**, v. 33, n. 4, p. 265–278, 2001.
- HOSSAIN, M. D.; NURUDDIN, A. A. Soil and Mangrove : A Review. **Journal of Environmental Science and Technology**, v. 9, n. 2, p. 198–207, 2016.

- HUNTER, E. M.; MILLS, H. J.; KOSTKA, J. E. Microbial community diversity associated with carbon and nitrogen cycling in permeable shelf sediments. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 72, n. 9, p. 5689–5701, 2006.
- IKENAGA, M. et al. Changes in Community Structure of Sediment Bacteria Along the Florida Coastal Everglades Marsh–Mangrove–Seagrass Salinity Gradient. **Microbial Ecology**, v. 59, n. 2, p. 284–295, 2010.
- IMCHEN, M. et al. Comparative mangrove metagenome reveals global prevalence of heavy metals and antibiotic resistome across different ecosystems. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, p. 1–15, 2018.
- IMCHEN, M.; KUMAVATH, R.; BARH, D.; AZEVEDO, V.; et al. Searching for signatures across microbial communities : Metagenomic analysis of soil samples from mangrove and other ecosystems. **Scientific Reports**, n. July, p. 1–13, 2017.
- IMCHEN, M.; KUMAVATH, R.; BARH, D.; AVEZEDO, V.; et al. Searching for signatures across microbial communities: Metagenomic analysis of soil samples from mangrove and other ecosystems. **Scientific Reports**, v. 7, n. 1, p. 1–13, 2017.
- INOUE, J. I. et al. Distribution and evolution of nitrogen fixation genes in the phylum Bacteroidetes. **Microbes and Environments**, v. 30, n. 1, p. 44–50, 2015.
- JESSUP, C. M. et al. Big questions , small worlds : microbial model systems in ecology. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 19, n. 4, p. 189–197, 2004.
- JIA, C.; BATTERMAN, S. A critical review of naphthalene sources and exposures relevant to indoor and outdoor air. **International Journal of Environmental Research and Public Health**, v. 7, n. 7, p. 2903–2939, 2010.
- JIMENEZ, J. a J.; LUGO, A. E.; CINTRÓN-MOLERO, G. Tree mortality in mangrove forests. **Biotropica**, v. 17, n. 3, p. 177–185, 1985.
- JOHNSON, A. R.; WICK, L. Y.; HARMS, H. Principles of microbial PAH-degradation in soil. **Environmental Pollution**, v. 133, n. 1, p. 71–84, 2005.
- JOHNSTON, G. P.; LEFF, L. G. Bacterial community composition and biogeochemical heterogeneity in PAH-contaminated riverbank sediments. **Journal of Soils and Sediments**, v. 15, n. 1, p. 225–239, 2014.
- JURBURG, S. D. et al. Autogenic succession and deterministic recovery following disturbance in soil bacterial communities. **Nature Publishing Group**, n. June 2016, p. 1–11, 2017.
- KATHIRESAN, K. How do mangrove forests induce sedimentation? **Revista de Biología Tropical**, v. 51, n. 2, p. 355–359, 2003.
- KE, L. et al. Fate of polycyclic aromatic hydrocarbon (PAH) contamination in a mangrove swamp in Hong Kong following an oil spill. **Marine Pollution Bulletin**, v. 45, n. 1–12, p. 339–347, 2002.

- KEISER, A. D. et al. The effect of resource history on the functioning of soil microbial communities is maintained across time. **Biogeosciences**, v. 8, p. 1477–1486, 2011.
- KERTESZ, M. A.; MIRLEAU, P. The role of soil microbes in plant sulphur nutrition. **Journal of Experimental Botany**, v. 55, n. 404, p. 1939–1945, 2004.
- KILCA, R. V. et al. Os manguezais e marismas da Baía Babitonga : uma síntese. **Revista CEPSUL - Biodiversidade e Conservação Marinha**, v. 8, 2019.
- KJERFVE, B.; LACERDA, L. **Mangroves of Brazil**. [S.l: s.n.], 1993
- KLINDWORTH, A. et al. Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. **Nucleic Acids Research**, v. 41, n. 1, p. 1–11, 2013.
- KNIE, J. L. W. **Atlas ambiental da região de Joinville – Complexo hídrico da Baía da Babitonga**. Florianópolis: FATMA/GTZ, 2002.
- KRISTENSEN, E. Mangrove crabs as ecosystem engineers; with emphasis on sediment processes. **Journal of Sea Research**, v. 59, n. 1–2, p. 30–43, 2008.
- KUMAR, P. S. et al. Target region selection is a critical determinant of community fingerprints generated by 16S Pyrosequencing. **PLoS ONE**, v. 6, n. 6, p. 1–8, 2011.
- LEE, S. Y. et al. Impact of urbanization on coastal wetland structure and function. **Austral Ecology**, v. 31, n. 2, p. 149–163, 2006.
- LEWIS, M.; PRYOR, R.; WILKING, L. Fate and effects of anthropogenic chemicals in mangrove ecosystems: A review. **Environmental Pollution**, v. 159, n. 10, p. 2328–2346, 2011.
- LI, H. et al. Comparisons of different hypervariable regions of rrs genes for fingerprinting of microbial communities in paddy soils. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 41, n. 5, p. 954–968, 2009.
- LI, Q. et al. Potential biological role of laccase from the sponge *Suberites domuncula* as an antibacterial defense component. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - General Subjects**, v. 1850, n. 1, p. 118–128, 2015.
- LIN, X. et al. Mangrove Sediment Microbiome : Adaptive Microbial Assemblages and Their Routed Biogeochemical Processes in Yunxiao Mangrove National Nature Reserve , China. 2018.
- LIN, Y. et al. Congener profiles, distribution, sources and ecological risk of parent and alkyl-PAHs in surface sediments of Southern Yellow Sea, China. **Science of the Total Environment**, v. 580, p. 1309–1317, 2017.
- LINO, F. et al. Endo- and exoglucanase activities in bacteria from mangrove sediment. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 44, n. 3, p. 969–976, 2013.

- LOPES, G. R. et al. Growth of crassostrea gasar cultured in marine and estuary environments in brazilian waters. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 48, n. 8, p. 975–982, 2013.
- LUO, L. et al. Influence of mangrove roots on microbial abundance and ecoenzyme activity in sediments of a subtropical coastal mangrove ecosystem. **International Biodeterioration and Biodegradation**, v. 132, n. April, p. 10–17, 2018.
- LUO, L.; GU, J. D. Influence of Macrofaunal Burrows on Extracellular Enzyme Activity and Microbial Abundance in Subtropical Mangrove Sediment. **Microbial Ecology**, v. 76, n. 1, p. 92–101, 2018. D
- LUTHER, D. A.; GREENBERG, R. Mangroves: A global perspective on the evolution and conservation of their terrestrial vertebrates. **BioScience**, v. 59, n. 7, p. 602–612, 2009.
- LYNCH, M. D. J.; NEUFELD, J. D. Ecology and exploration of the rare biosphere. **Nature Reviews Microbiology**, v. 13, n. 4, p. 217–229, 2015.
- MACHADO, W. et al. Reactive sulfides relationship with metals in sediments from an eutrophicated estuary in Southeast Brazil. **Marine Pollution Bulletin**, v. 49, p. 89–92, 2004.
- MACIEL-SOUZA, M. D. C. et al. Chemical and microbiological characterization of mangrove sediments after a large oil-spill in Guanabara Bay - RJ - Brazil. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 37, n. 3, p. 262–266, 2006.
- MAHMOUDI, N. et al. Sequential bioavailability of sedimentary organic matter to heterotrophic bacteria. **Environmental Microbiology**, v. 19, n. 7, p. 2629–2644, 2017.
- MAKOI, J. H. J. R.; NDAKIDEMI, P. A. Selected soil enzymes : Examples of their potential roles in the ecosystem. **African Journal of Biotechnology**, v. 7, n. 3, p. 181–191, 2008.
- MARTINS, C. C. et al. Polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in a large South American industrial coastal area (Santos Estuary, Southeastern Brazil): Sources and depositional history. **Marine Pollution Bulletin**, v. 63, n. 5–12, p. 452–458, 2011.
- MENDES, I. de C.; SOUSA, D. M. G. de; REIS JUNIOR, F. B. dos R. Bioindicadores de qualidade de solo: dos laboratórios de pesquisa para o campo. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 32, n. 1/2, p. 185–203, 2015.
- MEZIANE, T.; TSUCHIYA, M. Fatty acids as tracers of organic matter in the sediment and food web of a mangrovelintertidal flat ecosystem, Okinawa, Japan. **Marine Ecology Progress Series**, v. 200, p. 49–57, 2000.
- MMA. **Instituto Chico Mendes e Ibama realizam consulta pública sobre reserva de fauna**. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/informma/item/4377-instituto-chico-mendes-e-ibama-realizam-consulta-publica-sobre-reserva-de-fauna>>. Acesso em: 15 jul. 2015.

MMA. **Panorama da Conservação dos Ecossistemas Costeiros e Marinhos no Brasil. Secretaria de Biodiversidade e Florestas/Gerência de Biodiversidade Aquática e recursos Pesqueiros**. Brasília: MMA/SBF/GBA. , 2010

MOESKOPS, B. et al. Soil microbial communities and activities under intensive organic and conventional vegetable farming in West Java , Indonesia. **Applied Soil Ecology**, v. 45, n. 2, p. 112–120, 2010.

MUMTAZ, M. et al. **Toxicological Profile for Polycyclic Aromatic Hydrocarbons, U.S. Department of Health & Human Services, Public Health Service, Agency for Toxic Substances and Disease Registry, Washington, D.C., August, 1985. Toxicological profile for polycyclic aromatic hydrocarbons**. [S.l: s.n.], 1995.

MUNIZ, E. da R.; CUNHA CHAVES, P. de T. da. Condição reprodutiva da betara preta, *Menticirrhus americanus* (Teleostei, sciaenidae), na pesca realizada no litoral norte de Santa Catarina, Brasil. **Acta Scientiarum - Biological Sciences**, v. 30, n. 4, p. 339–344, 2008.

NAIDOO, G.; NAIDOO, K. Uptake of polycyclic aromatic hydrocarbons and their cellular effects in the mangrove *Bruguiera gymnorrhiza*. **Marine Pollution Bulletin**, v. 113, n. 1–2, p. 193–199, 2016.

NDIAYE, E. L. et al. Integrative biological indicators for detecting change in soil quality. **American Journal of Alternative Agriculture**, v. 15, n. October 2009, p. 26–36, 2000.

NIKOLAKI, S.; TSIAMIS, G. Microbial Diversity in the Era of Omic Technologies. v. 2013, 2013.

NUDI, A. H. et al. Validation of *Ucides cordatus* as a bioindicator of oil contamination and bioavailability in mangroves by evaluating sediment and crab PAH records Validation of *Ucides cordatus* as a bioindicator of oil contamination and bioavailability in mangroves by eval. **Environment International**, v. 33, p. 315–327, 2007.

OPRICA, L. et al. The Tillage Effect On The Soil Acid And Alkaline Phosphatase Activity. **Genetics and Molecular Biology**, v. 12, n. 4, p. 103–110, 2011.

OTERO, X. L.; MACIAS, F. Variation with depth and season in metal sulfides in salt marsh soils. **Biogeochemistry**, v. 61, p. 247–268, 2002.

PAGALING, E. et al. Community history affects the predictability of microbial ecosystem development. **International Society for Microbiology Ecology Journal**, v. 8, p. 19–30, 2014.

PAISSÉ, S. et al. Structure of bacterial communities along a hydrocarbon contamination gradient in a coastal sediment. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 66, n. 2, p. 295–305, 2008.

PINHASSI, J.; BERMAN, T. Differential Growth Response of Colony-Forming alpha- and gamma-Proteobacteria in Dilution Culture and Nutrient Addition Experiments from Lake

Kinneret (Israel), the Eastern Mediterranean Sea , and the Gulf of Eilat. **Applied and Environmental Microbiology**, n. January, p. 199–211, 2003.

POIRIER, S. et al. Detection of an amplification bias associated to Leuconostocaceae family with a universal primer routinely used for monitoring microbial community structures within food products. **BMC Research Notes**, v. 11, n. 1, p. 1–5, 2018.

PORTILHO, I. I. R. et al. Persistência de inseticidas e parâmetros microbiológicos em solo sob sistemas de manejo. **Ciência Rural**, v. 45, n. 1, p. 22–28, 2015.

PRAMANIK, A.; SENGUPTA, S.; BHATTACHARYYA, M. **Microbial Diversity and Community Analysis of the Sundarbans Mangrove, a World Heritage Site**. [S.l.]: Elsevier Inc., 2019.

PROSSER, J. I. Dispersing misconceptions and identifying opportunities for the use of “omics” in soil microbial ecology. **Nature Reviews Microbiology**, v. 13, n. 7, p. 439–446, 2015.

PYLRO, V. S. et al. BMPOS: a Flexible and User-Friendly Tool Sets for Microbiome Studies. **Microbial Ecology**, v. 72, n. 2, p. 443–447, 2016.

QUARTEL, S. et al. Wave attenuation in coastal mangroves in the Red River Delta , Vietnam. **Journal Of Asian Earth Sciences**, v. 29, p. 576–584, 2007.

QUEIROZ, L. et al. Shrimp aquaculture in the federal state of Ceará, 1970-2012: Trends after mangrove forest privatization in Brazil. **Ocean and Coastal Management**, v. 73, p. 54–62, 2013.

RAMDINE, G. et al. Polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in surface sediment and oysters (*Crassostrea rhizophorae*) from mangrove of Guadeloupe: Levels, bioavailability, and effects. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 79, p. 80–89, 2012.

RAMPADARATH, S. et al. Metatranscriptomics analysis of mangroves habitats around Mauritius. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 34, n. 4, p. 0, 2018.

REED, A. J. et al. Phylogenetic diversity of methanogenic, sulfate-reducing and methanotrophic prokaryotes from deep-sea hydrothermal vents and cold seeps. **Deep-Sea Research Part II: Tropical Studies in Oceanography**, v. 56, n. 19–20, p. 1665–1674, 2009.

REN, H. et al. Restoration of mangrove plantations and colonisation by native species in Leizhou bay, South China. **Ecological Research**, v. 23, n. 2, p. 401–407, 2008.

RIGONATO, J. et al. Temporal assessment of microbial communities in soils of two contrasting mangroves. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 49, n. 1, p. 87–96, 2018.

ROCHA, L. L. et al. Distinct Habitats Select Particular Bacterial Communities in Mangrove Sediments. **International Journal of Microbiology**, v. 2016, 2016.

- ROVAI, A. S. et al. Secondary succession impairment in restored mangroves. **Wetlands Ecology and Management**, v. 20, n. 5, p. 447–459, 2012.
- SANDILYAN, S.; KATHIRESAN, K. Mangroves as bioshield: An undisputable fact. **Ocean and Coastal Management**, v. 103, n. January 2012, p. 94–96, 2015. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.ocecoaman.2014.11.011>>.
- SCHAEFFER-NOVELLI, Y. et al. Variability of mangrove ecosystems along the Brazilian coast. **Estuaries**, v. 13, n. 2, p. 204–218, 1990.
- SCHIMEL, J.; BALSER, T. C.; WALLENSTEIN, M. MICROBIAL STRESS-RESPONSE PHYSIOLOGY AND ITS IMPLICATIONS FOR ECOSYSTEM FUNCTION. **Ecology**, v. 88, n. 6, p. 1386–1394, 2007.
- SCHMIDT, R. et al. Hydrocarbons. **Ullman's Encycl. Ind. Chem.** [S.l: s.n.], 2015. p. 74.
- SEVERINO-RODRIGUES, E.; PITA, J. B.; GRAÇA-LOPES, R. Pesca Artesanal De Siris (Crustacea , Decapoda , Portunidae ) na região estuarina de Santos e São Vicente (SP), Brasil. **Boletim do Instituto de Pesca**, v. 27, n. 1, p. 7–19, 2001.
- SHANNON, C. E. A mathematical theory of communication. **The Bell System Technical Journal**, v. 28, n. 3, p. 379–423, 1948.
- SHERMAN, R. E.; FAHEY, T. J.; HOWARTH, R. W. Soil-plant interactions in a neotropical mangrove forest : iron , phosphorus and sulfur dynamics. **Oecologia**, v. 115, p. 553–563, 1998.
- SHOKRALLA, S. et al. Next-generation sequencing technologies for environmental DNA research. **Molecular Ecology**, v. 21, n. 8, p. 1794–1805, 2012.
- SIVASOTHI, N.; NG, P. K. L. **A guide to the mangroves of Singapore 1 : the ecosystem and plant diversity**. [S.l.]: Singapore Science Centre, 2002.
- SOARES, M. L. G. et al. Southern limit of the Western South Atlantic mangroves: Assessment of the potential effects of global warming from a biogeographical perspective. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, v. 101, p. 44–53, 2012.
- SOGIN, M. L. et al. Microbia diversity in the deep sea and the underexplored “rare biosphere”. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 103, n. 32, p. 12115–12120, 2008.
- SOUZA-CONCEIÇÃO, J. M. et al. O papel de praias estuarinas como habitats para peixes em um ambiente subtropical Brasileiro. **Neotropical Biology and Conservation**, v. 8, n. 3, p. 121–131, 2013.
- SOUZA-JÚNIOR, V. S. de et al. Evolução quaternária, distribuição de partículas nos solos e ambientes de sedimentação em manguezais do estado de São Paulo. **Revista Brasileira Ciências do Solo**, v. 31, p. 753–769, 2007.
- SPALDING, M. D. **World Atlas of MAngroves**. [S.l: s.n.], 2010.

- SRINIVASA RAO, C. et al. Soil Enzymes. **Encyclopedia of Soil Science, Third Edition**, n. November, p. 2100–2107, 2016.906>.
- STOKKE, R. et al. Functional interactions among filamentous Epsilonproteobacteria and Bacteroidetes in a deep-sea hydrothermal vent biofilm. **Environmental Microbiology**, v. 17, n. 10, p. 4063–4077, 2015.
- STRESSLER, T. et al. Detection , production , and application of microbial arylsulfatases. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 100, n. 21, p. 9053–9067, 2016.
- SU, Z. et al. Sediment bacterial community structures and their predicted functions implied the impacts from natural processes and anthropogenic activities in coastal area. **Marine Pollution Bulletin**, v. 131, n. January, p. 481–495, 2018.
- SUBHANI, A. et al. Impact of Soil Environment and Agronomic Practices on Microbial/Dehydrogenase Enzyme Activity in Soil . A Review. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v. 4, n. 3, p. 333–338, 2001.
- TABATABAI, M. A. Soil Enzymes. In: WEAVER, R. W.; ANGLE, J. S.; BOTTOMLEY, P. S. (Org.). . **Methods Soil Anal. Microbiol. Biochem. Prop.** Madison: Soil Science Society of America, p. 775–833, 1994.
- TAKETANI, R. G. et al. Co-occurrence patterns of litter decomposing communities in mangroves indicate a robust community resistant to disturbances. **PeerJ**, v. 2018, n. 10, 2018.
- TAKETANI, R.G. et al. Diversity and identification of methanogenic archaea and sulphate-reducing bacteria in sediments from a pristine tropical mangrove. **Antonie van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology**, v. 97, n. 4, p. 401–411, 2010.
- TAM, N. F.; WONG, Y.-S. Spatial variation of heavy metals in surface sediments of Hong Kong mangrove swamps. **Environmental Pollution**, v. 110, p. 195–205, 2000.
- TIRALERDPANICH, P. et al. Potential microbial consortium involved in the biodegradation of diesel, hexadecane and phenanthrene in mangrove sediment explored by metagenomics analysis. **Marine Pollution Bulletin**, v. 133, n. June, p. 595–605, 2018.
- TONG, T. et al. The distribution of sediment bacterial community in mangroves across China was governed by geographic location and eutrophication. **Marine Pollution Bulletin**, v. 140, n. December 2018, p. 198–203, 2019.
- TRIPATHI, S. et al. Enzyme activities and microbial biomass in coastal soils of India. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 39, p. 2840–2848, 2007.
- TURECK, C. R. et al. Avaliação da concentração de metais pesados em tecido de ostras *Crassostra gigas* (Mollusca, Bivalve) cultivadas na Baía da Babitonga, Litoral Norte de Santa Catarina. **Pesticidas: Revista de ecotoxicologia e meio ambiente**, v. 16, p. 53–62, 2006.

- TURECK, C. R. et al. Avaliação do crescimento em *Crassostrea gigas* (molusca, bivalve) cultivadas na Baía da Babitonga, litoral norte do Estado de Santa Catarina. **Saúde e Meio Ambiente**, v. 5, p. 1–15, 2004.
- UMAR MAIGARI, A.; UMAR MAIGARI, M. Microbial metabolism of Polycyclic Aromatic Hydrocarbon (PAHs) : A review. **International Journal of Scientific & Engineering Research**, v. 6, n. 4, p. 1449–1459, 2015.
- VAN SANTEN, P. et al. Sedimentation in an estuarine mangrove system. **Journal of Asian Earth Sciences**, v. 29, n. 4, p. 566–575, 2007.
- VANNUCCI, M. What Is So Special About Mangroves ? **Brazilian journal of biology**, v. 61, n. 4, p. 599–603, 2001.
- VEENA, V. et al. Isolation and characterization of -glucosidase producing bacteria from different sources. **African Journal of Biotechnology**, v. 10, n. 66, p. 14907–14912, 2011.
- VIEIRA, C. V. et al. Caracterização morfosedimentar e setorização do complexo estuarino da baía da babitonga / sc. **Boletim Paranaense de Geociências**, v. 62–62, p. 85–105, 2008.
- VINCENT, J. B.; CROWDER, M. W.; AVERILL, B. A. Hydrolysis of phosphate monoesters: a biological problem with multiple chemical solutions. **Trends in Biochemical Sciences**, v. 17, n. 3, p. 105–110, 1992.
- VINCENT, W. F. Evolutionary origins of Antarctic microbiota : invasion, selection and endemism. **Antarctic Science**, v. 12, n. 3, p. 374–385, 2000.
- VONG, P. et al. Immobilized-S , microbial biomass-S and soil arylsulfatase activity in the rhizosphere soil of rape and barley as affected by labile substrate C and N additions. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 35, p. 1651–1661, 2003.
- WALSH, J. P.; NITTROUER, C. A. Mangrove-bank sedimentation in a mesotidal environment with large sediment supply , Gulf of Papua. **Marine Geology**, v. 208, p. 225–248, 2004.
- WOLIŃSKA, A.; STEPNIEWSKA, Z. Dehydrogenase Activity in the Soil Environment. **Intech**. [S.l: s.n.], 2012. v. i. p. 13.
- WU, P. et al. Bacterial communities in the rhizospheres of three mangrove tree species from Beilun Estuary, China. **PLoS ONE**, v. 11, n. 10, p. 1–13, 2016.
- WU, S. et al. Depth-related change of sulfate-reducing bacteria community in mangrove sediments : The influence of heavy metal contamination. **Marine Pollution Bulletin**, v. 140, p. 443–450, 2019.
- YANG, B.; WANG, Y.; QIAN, P. Y. Sensitivity and correlation of hypervariable regions in 16S rRNA genes in phylogenetic analysis. **BMC Bioinformatics**, v. 17, n. 1, p. 1–8, 2016.

- YAO, X. feng et al. The effect of heavy metal contamination on the bacterial community structure at Jiaozhou Bay, China. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 48, n. 1, p. 71–78, 2017.
- YUN, J.; DENG, Y.; ZHANG, H. Anthropogenic protection alters the microbiome in intertidal mangrove wetlands in Hainan Island. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 101, n. 15, p. 6241–6252, 2017.
- ZHANG, J. et al. Evaluation of different 16S rRNA gene V regions for exploring bacterial diversity in a eutrophic freshwater lake. **Science of the Total Environment**, v. 618, p. 1254–1267, 2018.
- ZHANG, N. et al. Pedogenic Carbonate and Soil Dehydrogenase Activity in Response to Soil Organic Matter in Artemisia. **Pedosphere: An International Journal**, v. 20, n. 2, p. 229–235, 2010.
- ZHOU, H. W. et al. Polycyclic aromatic hydrocarbon-induced Structural shift of bacterial communities in mangrove sediment. **Microbial Ecology**, v. 58, n. 1, p. 153–160, 2009.
- ZHOU, M. et al. A meta-analysis of soil salinization effects on nitrogen pools, cycles and fluxes in coastal ecosystems. **Global Change Biology**, v. 23, n. 3, p. 1338–1352, 2017.
- ZHU, P. et al. Intertidal zonation affects diversity and functional potentials of bacteria in surface sediments: A case study of the Golden Bay mangrove, China. **Applied Soil Ecology**, v. 130, n. June, p. 159–168, 2018.

## AUTORIZAÇÃO

Nome do autor: Mariana Serwy Oortman

RG: 4823499

Título da Tese: Composição e abundância da comunidade bacteriana da Baía Babitonga – SC – Brasil

Autorizo a Universidade da Região de Joinville – UNIVILLE, através da Biblioteca Universitária, disponibilizar cópias da tese de minha autoria.

Joinville, 28 de março de 2020.



---

Assinatura do aluno