



Diversidade do microbioma fúngico de equinodermos coletados em São Sebastião (São Paulo)

Julia Farias Ikenaga

Matheus Gotha

Orientador: Dr. Roberto Gomes de Souza Berlinck

Instituto de Química de São Carlos, Universidade de São Paulo (USP)

juliaikenaga@estudante.ufscar.br ; matheusgotha@usp.br ; rgsberlinck@iqsc.usp.br

Objetivos

Os macro-organismos marinhos adquiriram, como estratégia de sobrevivência e adaptação ao meio ambiente, a capacidade de acumular metabólitos secundários quando expostos a situações de estresse. No entanto, frequentemente estes compostos químicos são produzidos pelos microrganismos que vivem associados aos seus hospedeiros. Em equinodermos fungos associados às suas vísceras têm sido investigados como produtores de metabólitos secundários.

Neste projeto objetivou-se: a) Identificar linhagens de fungos isoladas a partir de equinodermos coletados na costa de São Sebastião (SP); b) Realizar o crescimento das linhagens fúngicas isoladas de equinodermos em diferentes meios de crescimento; c) Realizar análises metabolômicas do material obtido a partir dos meios de cultivo destas espécies de fungos, utilizando-se análises por HPLC-UV-MS e UPLC-qTOF-MS, análises estatísticas e quimiométricas em conjunto com a utilização de diferentes softwares (GNPS, SIRIUS 4).

Métodos e Procedimentos

A partir das vísceras de equinodermos coletados no litoral de São Paulo (São Sebastião) foram isoladas dezenove linhagens fúngicas, as quais foram inoculadas em meio de cultura *PDB* (Potato Dextrose Broth) e Meio Mínimo. Após o crescimento das linhagens, o material extraído com AcOEt, foi desengordurado por partição entre hexano e MeOH. As frações polares obtidas foram fracionadas por extração em fase sólida (SPE-CN). As frações obtidas destas separações foram analisadas por HPLC-UV-MS e UPLC-qTOF-MS.

Resultados

As dezenove linhagens fúngicas isoladas de holotúrias e de estrelas-do-mar foram identificadas por análises genômicas. As frações analisadas por HPLC-UV-MS indicaram a maioria como sendo policetídeo, alguns dos quais halogenados. Também foram detectados sesquiterpenos e compostos aromáticos.

Tabela 1. Identificação das dezenove linhagens fúngicas isoladas a partir das vísceras de equinodermos coletados em São Sebastião (SP).

Código	Linhagem fúngica	Código	Linhagem fúngica
E1D	<i>Aspergillus</i> sp.	P2E	<i>Trichoderma</i> sp.
E3A, E3B, E3C e E3D	<i>Cladosporium</i> sp.	P2G	<i>Annulohypoxylon moriforme</i>
P1A	<i>Annulohypoxylon stygium</i>	P2H	<i>Rousoella mediterranea</i>
P1B	<i>Penicillium</i> sp.	P2I	<i>Paraconiothyrium</i> sp.
P1G	<i>Penicillium</i> sp.	P2J	<i>Annulohypoxylon moriforme</i>
P1I	<i>Penicillium</i> sp.	P2K	Coniocessaceae (Família)
P1J	<i>Trichoderma</i> sp.	P2L	<i>Trichoderma</i> sp.
P2A	<i>Preussia africana</i> *	P2M	Hypoxylaceae (Família)
P2B	<i>Talaromyces</i> sp.	P2O	Nigrogranaceae (Família)
P2D	Thyridiaceae (Família)		

Conclusões

Este estudo evidenciou a diversidade fúngica dos microrganismos associados aos equinodermos e revelou que os metabólitos secundários por eles produzidos são distintivos tanto a nível estrutural quanto biológico. Este estudo possui relevância devido ao alto potencial biotecnológico atrelado à descoberta de compostos potencialmente bioativos e suas aplicações.

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

Julia F. Ikenaga planejou, concebeu, analisou os dados e realizou a redação do manuscrito. Matheus Gotha realizou a coleta, planejou e concebeu o estudo. Prof. Roberto G. S. Berlinck concebeu e supervisionou a pesquisa realizada.

Agradecimentos

Os autores agradecem à FAPESP, ao CNPq e CAPES pelo apoio financeiro.

Referências

MARCHESE, P. et al. Diversity and bioactivity of fungi associated with the marine sea cucumber *Holothuria poli*: disclosing the strains potential for biomedical applications. *Journal of Applied Microbiology*, **2020**, 129, 612–625.

WANG, J. et al. The genus *Paraconiothyrium*: species concepts, biological functions, and secondary metabolites. *Critical Reviews in Microbiology*, **2021**, 47, 781–810.