



CAPTAR
ciência e ambiente para todos

**CAPÍTULO ESPECIAL • IV Encontro Nacional
Pós-Graduação em Ciências Biológicas
Universidade de Aveiro**

volume 6 • número 1 • p 16 – 17

RESUMO

Comunidade bacteriana associada ao inseto vetor da Doença do Nemátodo do Pinheiro

Os insetos do género *Monochamus* são os vetores de dispersão do nemátodo *Bursaphelenchus xylophilus*, o agente causador da doença do nemátodo do pinheiro (DNP). A DNP afeta árvores do género *Pinus* e tem um impacto preocupante nas florestas de pinheiro na Eurásia. Uma vez afetados os pinheiros morrem em menos de um ano.

Estudos relativos à eficiência de vetorização noutras doenças demonstram a influência dos microrganismos simbióticos na sobrevivência do inseto vetor e no seu desenvolvimento. Assim sendo, a comunidade bacteriana associada às espécies de *Monochamus* pode influenciar o ciclo de vida do inseto e consequentemente a DNP.

O objetivo do estudo é caracterizar e comparar a comunidade bacteriana associada ao vetor Europeu e Asiático da DNP, utilizando métodos independentes do cultivo.

Foram amostrados *Monochamus galloprovincialis* em duas regiões afetadas em Portugal: Comporta (12 insetos) e Penacova (11 insetos). No Japão, em Marioka, foram amostrados *Monochamus alternatus* (12 insetos). Foi extraído DNA total do sistema de traqueias dos insetos e foi efetuada a deteção molecular de *B. xylophilus*. A região V3 do gene 16S rRNA foi analisada em eletroforese em gel com gradiente desnaturante (DGGE). Seis amostras de cada local foram selecionadas para pirosequenciação com base nos perfis de DGGE.

Em ambos os métodos as amostras agrupam de acordo com a espécie hospedeira com diferenças significativas na composição bacteriana

Marta Alves^{1,2•}

Patrícia Matos²

Anabela Pereira²

Cláudia Vicente^{3,4}

Joana Henriques⁵

Helena Lopes²

Manuel Mota³

António Correia²

Isabel Henriques^{1••}

¹Instituto de Biomedicina– iBiMED & Dept^o Biologia, Universidade de Aveiro.

²Centro de Estudos do Ambiente e do Mar - CESAM & Dept^o Biologia, Universidade de Aveiro.

³Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais Mediterrânicas – ICAAM, Dept^o Biologia, Universidade de Évora.

⁴Environmental Biology Department, Universidade de Chubu, Japão.

⁵Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Sistemas Agrários e Florestais e Sanidade Vegetal, do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, Oeiras.

• martasalgueiroalves@gmail.com

•• ihenriques@ua.pt

($p < 0,05$). Enterobacteriaceae foi a família bacteriana mais abundante em ambas as espécies (67,3% in *M. alternatus* e 81,5% in *M. galloprovincialis*) seguida por ambas as espécies (67,3% in *M. alternatus* e 81,5% in *M. galloprovincialis*) seguida por Comamonadaceae (6,6%) e Halomonadaceae (1,8%) em *M. alternatus*, e Leuconostocaceae (4,6%) e Xanthomonadaceae (4,2%) para *M. galloprovincialis*.

Os resultados obtidos sugerem que *M. galloprovincialis* e *M. alternatus* possuem uma comunidade bacteriana diferente que poderá influenciar a comunidade associada ao *B. xylophilus*. A família dominante, Enterobacteriaceae, também foi descrita em associação com *B. xylophilus* o que indica que poderá ser uma família com relevância na DNP.



PALAVRAS-CHAVE: *Bursaphelenchus xylophilus*, Doença do Nemátodo do Pinheiro, *Monochamus* spp., *Pinus pinaster*, diversidade bacteriana, gene 16S rRNA, pirosequenciação

agradecimentos • FCT grant to M. Alves (SFRH/BD/93999/2013) and project MICRONEMA (BI/CESAM/PTDC/BIA-MIC/3768/2012). I. Henriques was supported by ESF (EU) and POPH funds (Programa Investigador FCT).