

Mapeamento da biodiversidade de fungos da bacia do Rio Doce através do DNA Ambiental

Yumi Oki¹

Bruce Dickinson dos Santos Junior²

Geraldo Wilson Fernandes³

RESUMO

O solo, o habitat mais diverso da Terra, abriga aproximadamente 59% da biota terrestre, com os fungos representando cerca de 90% das espécies desse grupo e desempenhando funções essenciais na ciclagem de nutrientes e na manutenção dos ecossistemas. Na Bacia do Rio Doce, o rompimento da barragem de Fundão (2015) resultou no despejo de milhões de toneladas de rejeito, alterando significativamente o ambiente edáfico. Como essas alterações impactam a biodiversidade do solo? Uma abordagem eficaz para investigar essa questão é o DNA ambiental (eDNA), que permite o monitoramento abrangente das comunidades fúngicas, incluindo espécies crípticas ou raras, mesmo na ausência de organismos visíveis. O estudo foi realizado em cinco localidades da Bacia do Rio Doce: Mariana, Rio Casca, Ipatinga, Conselheiro Pena e Aimorés. Em cada localidade, foram selecionadas três áreas de referência e três áreas impactadas pelo rompimento da barragem de Fundão. Cada área contou com 15 parcelas demarcadas, totalizando 450 parcelas ao longo de todas as localidades. Em cada parcela, foram coletados cinco pontos amostrais (nos quatro vértices e no centro), resultando em 2.250 pontos amostrais para análise de eDNA das comunidades fúngicas do solo. A análise de DNA ambiental de quase todas as áreas estudadas foi analisada, com exceção de Ipatinga. Até o momento, foram detectados 16 filos de fungos, com prevalência de cinco após filtragem: Ascomycota, Basidiomycota, Mortierellomycota e Mucoromycota. Dessas linhagens, foram identificadas espécies de 18 gêneros. A abundância relativa de filos e gêneros varia entre áreas de referência e impactadas em todas as localidades estudadas até o momento. Por exemplo, em Mariana, as áreas

impactadas apresentaram maior predominância dos gêneros *Cladosporium* e *Debaryomyces*, e menor presença de *Trichoderma*, em comparação às áreas de referência. *Cladosporium* é um gênero cosmopolita e oportunista, que inclui espécies com funções ecológicas diversas, abrangendo tanto taxas saprófitas quanto fitopatogênicas. *Debaryomyces* é um gênero osmotolerante, frequentemente encontrado em solos ricos em metais pesados. Ademais, *Trichoderma* é um fungo com ação antagônica a fitopatógenos, capaz de aumentar a fertilidade do solo e promover o crescimento vegetal. Esses resultados indicam que as alterações causadas pelo desastre de Mariana podem influenciar a estrutura das comunidades fúngicas do solo e favorecer gêneros tolerantes ao estresse ambiental. Os resultados ressaltam ainda o uso de eDNA como ferramenta eficaz para detectar variações sutis na composição microbiana, fornecendo subsídios importantes para o monitoramento a longo prazo. Agradecimentos: FAPEMIG (APQ-00031-19).

Palavras-chave: Fungos, metagenômica, microbiota, monitoramento ambiental.

¹ Pós-Doutorado. Universidade Federal de Minas Gerais, (UFMG), Instituto de Ciências Biológicas (ICB)/Departamento de Genética, Ecologia e Evolução, Brasil. E-mail: yumiokibiologia@gmail.com;

² Mestrando. Universidade Estadual de Montes Claros (UNIMONTES), Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Uso dos Recursos Naturais (PPG-BURN). E-mail: brucedickinson.bio@gmail.com

³ Professor Titular. Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Instituto de Ciências Biológicas (ICB)/Departamento de Genética, Ecologia e Evolução. E-mail: gw.fernandes@gmail.com.