

Bactérias bioluminescentes são ubíquas nos ambientes marinhos. São escassos os estudos que investigam a presença e as condições ideais de ocorrência destas bactérias em ambientes naturais. Este trabalho tem como objetivos isolar e identificar bactérias bioluminescentes em amostras de água e de animais marinhos obtidas nas adjacências da zona de estuário da Bacia do Rio Tramandaí, no Litoral Norte do Estado, relacionando a presença destes microrganismos com as características físico-químicas da água. As coletas foram realizadas entre julho de 2010 e abril de 2011. Amostras de água do mar foram coletadas nas zonas de estuário, de pós-arrebentação, de transição e das monobóias do Terminal da Transpetro, com uma distância de cerca de duas milhas da costa (deste último local também se obtiveram invertebrados marinhos incrustantes). Suábies foram friccionados em peixes marinhos coletados em águas rasas de Tramandaí e de mar aberto em Imbé. Dos 9 invertebrados analisados, apenas 3 evidenciaram associação com bactérias bioluminescentes no mês de fevereiro, sob a maior temperatura da água (25°C). Dos 11 cultivos contendo muco de peixes, 9 apresentaram colônias bioluminescentes. Aferiu-se a temperatura, a salinidade, o potencial hidrogeniônico e o oxigênio dissolvido das amostras de água. Alíquotas de cada amostra foram inoculadas em placas de Petri contendo os meios Agar marinho e TCBS; realizou-se o mesmo procedimento com amostras enriquecidas por até 5 dias. Após incubação, foi determinada a carga microbiana bioluminescente (em Unidades Formadoras de Colônia). Das 224 placas inoculadas com amostras de água, 40,62% (n= 91) apresentaram colônias bioluminescentes. A temperatura foi o parâmetro que mais aparentou influenciar a carga microbiana bioluminescente das amostras: a carga máxima (690 UFC/mL) foi evidenciada em fevereiro, a 23°C na zona de pós-arrebentação. O perfil genotípico de 13 isolados bioluminescentes será analisado pela técnica de fingerprinting com o oligonucleotídeo iniciador GTG5. Posteriormente, representantes de cada grupo terão o gene 16S rDNA sequenciado para fins de identificação.