



MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE
SECRETARIA DE BIODIVERSIDADE E FLORESTAS
DIRETORIA DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE
PROJETO ESTRATÉGIA NACIONAL DE DIVERSIDADE BIOLÓGICA (BRA 97 G 31)
MMA/GEF/PNUD

AVALIAÇÃO DO ESTADO DO CONHECIMENTO DA
DIVERSIDADE BIOLÓGICA DO BRASIL
COBIO/MMA – GTB/CNPq – NEPAM/UNICAMP

MICROBIOTA

Versão Preliminar

GILSON PAULO MANFIO
CENTRO PURIDISCIPLINAR DE PESQUISAS QUÍMICAS, BIOLÓGICAS E AGRÍCOLAS / CPQBA
DIVISÃO DE RECURSOS MICROBIANOS
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE CAMPINAS - UNICAMP

2003

Conteúdo

Sumário Executivo	3
Executive Summary	11
Resumo.....	18
Microrganismos - um grupo heterogêneo, diversificado, complexo e ainda pouco conhecido	21
Estratégia do Levantamento de Dados	29
Linhas de pesquisa em diversidade microbiana	35
Diversidade de Archaea.....	40
Grupos de Pesquisa em Diversidade de Archaea no Brasil	41
Diversidade de Bactérias.....	42
Grupos de pesquisa em diversidade de bactérias no Brasil	45
Diversidade de fungos filamentosos e leveduras.....	47
Grupos de pesquisa em diversidade de fungos no Brasil	50
Diversidade de Protozoa	54
Grupos de pesquisa em diversidade de protozoários no Brasil	55
Diversidade de Vírus	56
Grupos de pesquisa em diversidade de vírus no Brasil.....	59
Considerações Finais e Conclusões.....	60
Glossário.....	63
Referências Bibliográficas	72

Sumário Executivo

Introdução

A avaliação do estado do conhecimento sobre a diversidade de microrganismos no Brasil, enfocando grupos microbianos diversos, incluindo os grupos de pesquisa atuantes no tema, foram parte integrante de um extenso levantamento sobre diversidade biológica, coordenado pelo Dr. Thomas M. Lewinsohn, no Projeto "Estratégia Nacional de Biodiversidade" (BRA97G31-MMA/GEF/PNUD), do "Programa Nacional de Diversidade Biológica" (PRONABIO), Ministério do Meio Ambiente - MMA (Secretaria de Biodiversidade e Florestas - SBF, Diretoria de Conservação da Biodiversidade - DCBio), cujas principais conclusões e síntese foram publicadas em 2003¹.

Neste Sumário Executivo, são apresentados, de modo sucinto, os principais resultados desta pesquisa. O levantamento completo pode ser encontrado no *site* de publicações da Diretoria de Conservação da Biodiversidade (DCBio), Ministério do Meio Ambiente (*Avaliação do Estado Atual do Conhecimento Sobre a Diversidade Microbiana no Brasil: Relatório Final - Revisado*; <http://www.mma.gov.br/port/sbf/chm/doc/microb.pdf>) (precisa ser definido o local do novo trabalho revisado).

Diversidade Microbiana

Microrganismo compreende uma definição taxonômica que congrega grupos variados de organismos unicelulares de dimensões microscópicas, que vivem na natureza como células isoladas ou em agregados celulares, incluindo os grupos: bactérias, arqueas, fungos filamentosos e leveduras, protozoários e vírus.

Os Microrganismos foram os primeiros seres vivos a colonizar a Terra. Estima-se que os primeiros microrganismos apareceram há mais de 3,5 milhões de anos. Atualmente, os microorganismos ocorrem em praticamente todos os ambientes do planeta e são capazes de sobreviver em locais cujas condições ambientais extrapolam os limites de tolerância de muitos animais e plantas,

¹Lewinsohn, T.M & Prado, P.I. (2003). Biodiversidade brasileira: síntese do estado atual do conhecimento. Contexto, São Paulo.

incluindo, desde fontes geotermiais, desertos e regiões polares, até lagos alcalinos, subsolo e interior de rochas.

A existência e a diversidade de seres vivos no planeta estão intimamente ligadas à diversidade e à atividade metabólica de microrganismos na natureza. Os microrganismos participam de processos ecológicos importantes, tais como fotossíntese e geração de oxigênio, ciclagem de matéria orgânica, ciclos biogeoquímicos (carbono, nitrogênio), manutenção da fertilidade e da estrutura de solos.

Apesar de sua grande importância ecológica, o número de espécies de microrganismos conhecidos (diversidade de espécies) representado pelos organismos cultivados descritos na literatura representa apenas uma pequena fração da diversidade microbiana encontrada na natureza (entre <0.1 a 1%, dependendo do habitat), estimada em estudos baseados na análise direta da diversidade através de métodos moleculares.

Atualmente, a classificação filogenética de microrganismos, derivada da análise de seqüências do ácido ribonucléico ribossomal (rRNA) aloca os diferentes grupos microbianos em três grandes Domínios: *Bacteria*, *Archaea* (grupos das arqueobactérias) e *Eucarya* (inclui os fungos e protozoários).

Cada um dos grupos citados acima apresenta esquemas de classificação e identificação distintos, seguem diferentes códigos de nomenclatura biológica e são objetos de estudo de comunidades de pesquisadores independentes. Em uma avaliação mais criteriosa, podemos afirmar que a Microbiologia engloba linhas de pesquisa independentes, compreendidas por Bacteriologistas (que incluem, ainda hoje, os especialistas em arqueas), Botânicos², Micologistas, Protozoologistas e Virologistas.

Estima-se, em nível global, que a diversidade de microrganismos exceda, em algumas ordens de magnitude, a diversidade de plantas e animais. Levantamentos estimativos da década de 90 propuseram que apenas 5% da diversidade de fungos é atualmente conhecida, com aproximadamente 69.000 espécies descritas. Para procariotos, incluindo bactérias e arqueas, são conhecidas 4.314 espécies, alocadas em 849 gêneros, correspondendo entre 0.1 a 12% da diversidade do grupo. Protozoários e vírus apresentam cerca de 30.800 e 5.000 espécies descritas, correspondendo a 31% e 4% do número de espécies estimado, respectivamente.

Em muitos casos, a caracterização das espécies em vários grupos é pobre em informação devido, em parte, às dificuldades de cultivo e realização de ensaios de caracterização convencionais em laboratório. Estas deficiências tornam o processo de identificação de isolados ambientais uma tarefa árdua e imprecisa. Como conseqüências, muitos levantamentos de diversidade de microrganismos utilizam esquemas de triagem onde os isolados são, freqüentemente, identificados apenas em nível de gênero, família ou acima, ou com base na classificação de grandes grupos funcionais (conjuntos diversos de organismos que exercem uma mesma função no ambiente, como, por exemplo, fungos degradadores de celulose no solo).

Frente a este cenário de biodiversidade microbiana com dimensão e abrangência extraordinárias, a realização de um levantamento sobre o estado do conhecimento em nível nacional se torna uma tarefa bastante complexa.

A estratégia de coleta de informações sobre profissionais atuantes em pesquisa, cujas linhas de atuação envolvessem o tema "diversidade microbiana", compreendeu duas abordagens:

- 1) levantamento de profissionais e linhas de atuação através de consultas em bases de dados e publicações relevantes da área nos últimos 10 anos (1989-1996), e,
- 2) distribuição de questionários-padrão para coleta de dados entre os profissionais identificados como "líderes-de-grupo" de pesquisa atuantes no país e pesquisadores individuais com nível de formação de mestrado ou acima, nas áreas de bacteriologia, micologia, virologia, microbiologia de solos, microbiologia médica, microbiologia de alimentos, microbiologia industrial e de fermentações e genética molecular.

As bases de dados consultadas para o levantamento de dados foram:

- "Quem é Quem em Biodiversidade"³
- "Cadastro Nacional de Competência em Ciência e Tecnologia", do CNCT (<http://reaact.cesar.org.br/cnct/novo-cnct/htmlEstatico/Welcome.html>),
- "Diretório dos Grupos de Pesquisa no Brasil", do CNPq, versão 2 (<http://www.cnpq.br/gpesq2/>) e versão 4 (<http://www.cnpq.br/gpesq3/dgp4/infgeral.html>)

²A taxonomia de bactérias fotossintéticas do grupo das cianófitas, ou algas azuis, é também trabalhada independentemente pela comunidade de Botânicos, segundo esquemas de classificação distintos do Código de Bacteriologia.

³O Ministério do Meio Ambiente assumiu a coordenação da "Rede de Informações em Biodiversidade" (BinBr; <http://www.binbr.org.br/quem>), que congrega a base de dados "Quem é Quem em Biodiversidade", originalmente sediada na Fundação André Tosello (<http://www.bdt.org.br/bdt/whobio/>).

- Base de Currículos Lattes, CNPq, versão março/2003 (<http://lattes.cnpq.br/>).

Apesar da inexistência de um cadastro único de informações na ocasião da amostragem⁴, classificações de “áreas de atuação” desatualizadas e imprecisas em algumas das bases consultadas, dificuldade de acesso à informação atualizada e dificuldades inerentes ao retorno de informações na coleta de dados realizada via questionários impressos, a compilação dos dados levantados permitiu uma avaliação global do cenário nacional de pesquisa em diversidade microbiana.

Resultados e tendências gerais sobre a distribuição geográfica de profissionais na área de Microbiologia e respectivas linhas de pesquisa obtidos no final de 1996 (data de finalização do levantamento) foram corroborados em um levantamento complementar, realizado na Base de Currículos Lattes em março de 2003⁵.

A distribuição geográfica de pesquisadores em Microbiologia (Tabela 1) é desigual no país, estando diretamente relacionada ao número de instituições atuantes na área, instaladas nas diferentes regiões. A grande maioria dos profissionais estão localizados em instituições na região Sudeste (MG, SP e RJ) e Sul do país (PR, SC e RS), com ocorrência reduzida nas demais regiões (Norte (TO), Nordeste (BA e PE) e Centro-Oeste (DF e GO)).

Vários fatores, incluindo aspectos históricos da localização das Instituições, infra-estrutura e disponibilidade de recursos para pesquisa, certamente contribuem para a distribuição observada. Contudo, cabe salientar que as regiões Norte/Nordeste e Centro-Oeste englobam áreas consideradas como “hot-spots” de diversidade biológica no mundo, incluindo as formações da Floresta Amazônica, Cerrado, Pantanal e algumas áreas remanescentes da Mata Atlântica. A escassez de profissionais atuantes nestas regiões certamente representa uma limitação expressiva ao desenvolvimento de estudos da diversidade de microrganismos nestes ambientes de elevada diversidade biológica no país.

Tabela 1. Distribuição geográfica de profissionais e instituições ligadas à pesquisa em diversidade microbiana no Brasil no ano de 1996.

Macro-regiões	Instituições	Pesquisadores
Norte/Nordeste	4	5

⁴A Base de Currículos Lattes do CNPq/MCT representa, hoje, um sistema unificado nacional de informações, congregando mais de 8 milhões de registros (março/2003) de pesquisadores em diferentes áreas do conhecimento.

⁵ detalhes e dados brutos obtidos podem ser consultados em <http://www.mma.gov.br/port/sbf/chm/doc/microb.pdf>.

Centro-Oeste	4	9
Sudeste	22	62
Sul	6	15
Total	36	91

Em levantamento de dados realizado em março de 2003 (Tabela 2) na base de dados do sistema Lattes (<http://lattes.cnpq.br>), não verificamos um incremento no número de pesquisadores enquadrados em Microbiologia na área temática de Ciências Biológicas (grupo 2120) e Ciências Agrícolas (5010), comparado com os dados de 1996. Novamente, a maior distribuição das instituições de atuação destes pesquisadores (Figura 1) foi nas regiões Sudeste (59%) e Sul (17)%.

Tabela 2. Número de pesquisadores classificados nas áreas de Microbiologia (2120) e Ciências Agrícolas (5010) no sistema Lattes do CNPq/MCT (em 19/março/2003).

Classificação CNPq	Área do conhecimento	Total por área principal ^a	%	Total com redundância ^b	%
21200009	Microbiologia	394	18,0	1018	18,4
21201005	Biologia e Fisiologia dos Microorganismos	109	5,0	443	8,0
21201013	Virologia	176	8,0	327	5,9
21201021	Bacteriologia	250	11,4	536	9,7
21201030	Micologia	160	7,3	354	6,4
21202001	Microbiologia Aplicada	226	10,3	826	15,0
21202010	Microbiologia Médica	366	16,7	753	13,6
21202028	Microbiologia Industrial e de Fermentação	229	10,5	594	10,8
50101048	Microbiologia e Bioquímica do Solo	242	11,1	468	8,5
50102044	Microbiologia Agrícola	37	1,7	205	3,7
TOTAL		2.189		5.524	

^aPesquisadores que selecionaram a área de conhecimento como sua área principal no sistema.

^bPesquisadores que selecionaram a área como uma das suas áreas de atuação.

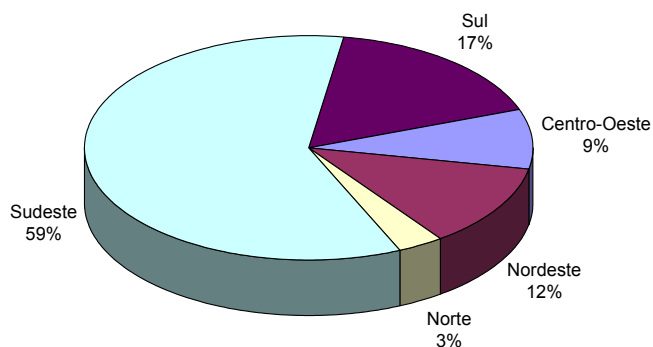


Figura 1. Distribuição geográfica das instituições dos pesquisadores classificados como áreas principais Microbiologia (2120) e Ciências Agrícolas (5010) no sistema Lattes do CNPq/MCT em (19/março/2003).

Uma análise detalhada das linhas de atuação e publicações dos diferentes grupos de trabalho identificados nos levou a concluir que, de modo geral, a pesquisa em diversidade microbiana e, conseqüentemente, **o conhecimento da diversidade de microrganismos no Brasil é limitado a um número reduzido de pesquisadores, a poucos grupos taxonômicos e apresenta uma cobertura geográfica heterogênea.**

As pesquisas são, em sua maioria, voltadas para a caracterização taxonômica e identificação de grupos microbianos específicos, empregando metodologias clássicas, baseadas no cultivo e observação de propriedades morfológicas, metabolismo e fisiologia. O emprego de metodologias de caracterização molecular e métodos independentes-de-cultivo para o estudo de comunidades microbianas complexas no meio ambiente e para a caracterização da diversidade genética infra-específica foi identificado em apenas seis grupos de pesquisa no país, ainda em estágio de formação e consolidação de equipes.

A diversidade taxonômica de gêneros/espécies de microrganismos no Brasil é mais amplamente conhecida e melhor documentada para os fungos filamentosos, com uma literatura impressa diversificada, incluindo revisões taxonômicas e levantamentos de espécies em diferentes regiões geográficas e biomas. Estes levantamentos, contudo, tendem a se concentrar em um número reduzido de grupos taxonômicos.

A diversidade de arqueas, bactérias, leveduras, protozoários e vírus, principalmente de organismos isolados do ambiente, é ainda muito pouco conhecida. Publicações para estes grupos restringem-se principalmente à caracterização de microrganismos isolados, geralmente de interesse médico ou que representam riscos de doenças para plantas de importância agrícola, e a estudos de quantificação de grupos microbianos funcionais.

Basicamente, duas linhas principais de formação em Microbiologia podem ser apontadas no Brasil:

- formação em microbiologia determinativa, praticada nas áreas de microbiologia clínica e de alimentos, onde a detecção e identificação de organismos é baseada em esquemas padronizados para os principais grupos de microrganismos com risco potencial para a saúde pública;
- microbiologia sistemática *sensu lato*, de prática restrita a poucos grupos de trabalho relacionados à caracterização e estudos taxonômicos de microrganismos isolados do meio ambiente.

A microbiologia clínica teve, historicamente, um maior avanço que a microbiologia ambiental, devido à sua importância para a saúde pública no Brasil. Diversos grupos com tradição em pesquisa de nível internacional em protozoários e vírus associados a doenças tropicais são ainda hoje atuantes, em instituições de pesquisa tais como a Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), o Instituto Evandro Chagas e a Universidade de São Paulo (USP), além de grupos de pesquisa consolidados em bacteriologia, como as equipes do Instituto Adolfo Lutz (IAL), Instituto de Medicina Tropical da Universidade de São Paulo (IMT/USP) e Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), e em micologia, como o grupo da DPUA, Universidade do Amazonas e IMT/USP.

A pesquisa em microbiologia ambiental vem ganhando força ao longo dos últimos anos, com a emergência de grupos de trabalho relativamente novos com estudos na região amazônica (Universidade do Amazonas), Cerrado Central (Universidade de Goiás) e Mata Atlântica (Universidade Federal de Pernambuco, Universidade Federal do Rio de Janeiro e Universidade de São Paulo).

Além destes, equipes especializadas em organismos de importância agrícola, ambiental, industrial e microbiologia de alimentos são encontradas em diversos centros da EMBRAPA, IBSBF/Instituto Biológico, CNEN/PC-SP, SEMIA/IPAGRO (Piracicaba, SP), DTPE/CETESB (SP), INCQS/FIOCRUZ, Instituto de Pesquisas Tecnológicas (IPT, SP) Instituto de Tecnologia de Alimentos (ITAL, SP), Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Universidade de Brasília (UnB) e Universidade de São Paulo (USP).

Contudo, a capacitação de pessoal e a infra-estrutura de pesquisa para a realização de estudos envolvendo a caracterização da diversidade microbiana ainda são embrionárias no país. Metodologias de microbiologia sistemática, principalmente a aplicação de taxonomia polifásica, sistemática molecular e métodos independentes-de-cultivo, necessários à realização de estudos de

Excluído: embrionários

diversidade microbiana em comunidades complexas, demandam uma infraestrutura e treinamento específicos, ainda limitada a poucos centros nacionais de pesquisa.

Um ponto crítico citado como limitante ao desenvolvimento da microbiologia ambiental no Brasil refere-se à falta de apoio às coleções-de-referência de microrganismos no país. Coleções científicas importantes, incluindo acervos de microalgas, protozoários, bactérias, fungos filamentosos, leveduras e linhagens celulares, são predominantemente localizadas na região Sudeste e Sul, em centros de pesquisa e universidades, sendo que regiões consideradas ricas em diversidade, como o Norte e Centro-Oeste do país, apresentam um número pequeno de coleções. Um levantamento realizado entre 1982 e 1989⁶ listava 36 coleções catalogadas, com acervos de algas (7), bactérias (18), fungos filamentosos e leveduras (18), protozoários (4), vírus (1) e culturas celulares animais (1). Existe, contudo, uma grande lacuna de informação quanto ao estado de conservação, documentação e informatização dos acervos, capacitação de profissionais e, sobretudo, quanto ao perfil de utilização e desenvolvimento de pesquisas ligadas ao material do acervo. Em projeto recente do MCT, (SICol)⁷, informações sobre os centros de recursos biológicos brasileiros serão organizadas em um sistema via Internet, atuando como elemento integrador às diversas coleções de interesse biotecnológico, econômico e de aplicações industriais no país.

Agradecimentos. A Thomas Michael Lewinsohn, pela oportunidade oferecida e constante motivação na realização deste trabalho. A Manuela da Silva e Lyriam Lobo Rosa Marques, pela ajuda na organização e tabulação dos dados amostrados. A Charles Henrique de Araújo e Geraldo Sorte, do CNPq/MCT, pelo auxílio na realização das buscas no Sistema Lattes em 2003. Aos pesquisadores e colegas que forneceram imagens para ilustração do texto e auxiliaram na discussão dos resultados.

Executive Summary

⁶Canhos, V.P.; Souza, S. & Canhos, D.A.L. (eds.). (1989). Catálogo nacional de linhagens, vol. I – Bactérias. Campinas: Fundação Tropical de Pesquisas e Tecnologia “André Tosello”.

Introduction

An extensive survey on the state-of-the-art of microbial diversity in Brazil, focusing both on microbial taxa and researchers, was part of a biological diversity inventory coordinated by Dr. Thomas M. Lewinsohn in the National Biodiversity Strategy Project (“Estratégia Nacional de Biodiversidade” - BRA97G31-MMA/GEF/PNUD) of the National Biological Diversity Program (“Programa Nacional de Diversidade Biológica” – PRONABIO)⁸.

The conclusions and synthesis of the national inventory were published in 2003⁹. In this Executive Summary we present the main results of the Microbiological Survey of this study. Extended data from the survey can be found in the publications site of the “Diretoria de Conservação da Biodiversidade” (DCBio), Ministério do Meio Ambiente (*Avaliação do Estado Atual do Conhecimento Sobre a Diversidade Microbiana no Brasil: Relatório Final – Revisado*; <http://www.mma.gov.br/port/sbf/chm/doc/microb.pdf>) (precisa ser definido o local do novo trabalho revisado). **Microbial Diversity**

Microorganism is a taxonomic definition that encompasses diverse groups of unicellular organisms of microscopic dimensions that live in nature isolated or in cell aggregates. These include the bacteria, archaea, filamentous fungi and yeasts, protozoa and viruses.

Microorganisms were the first life forms that colonized Earth. It is estimated that microbial life began more than 3.5 billion years ago. Today, it occurs in virtually all habitats in the planet, thriving under environmental conditions that surpass tolerance levels of most plants and animals, including geothermal sources, deserts, polar habitats, alkaline lakes, subsurface sediments and even inside rocks.

The existence and diversity of all life in the planet is intimately linked to the diversity and metabolic activity of microorganisms in nature. Microorganisms play important roles in ecological processes, such as photosynthesis and the generation of oxygen, organic matter cycling, biogeochemical cycles (carbon, nitrogen) and the maintenance of soil fertility and structure, among others.

⁷Sistema de Informação de Coleções de Interesse Biotecnológico - SICol; <http://sicol.cria.org.br/>.

⁸Biodiversity and Forestry Secretary - “Secretaria de Biodiversidade e Florestas” – SBF, Diretoria de Conservação da Biodiversidade – DCBio; Ministry of the Environment - “Ministério do Meio Ambiente” – MMA.

⁹Lewinsohn, T.M & Prado, P.I. (2003). Biodiversidade brasileira: síntese do estado atual do conhecimento. Contexto, São Paulo.

Despite their enormous ecological importance, the number of known microbial species (species diversity), represented by cultivated organisms described in literature, represents a small fraction of the microbial diversity found in nature (between <0.1 to 1%, depending on the habitat), estimated in studies based upon direct analysis using molecular methods.

The modern phylogenetic classification of microorganisms, derived from analyses of ribosomal ribonucleic acid (rRNA) sequence data, places the different microbial groups into three major Domains: *Bacteria*, *Archaea* (archaeobacteria) and *Eucarya* (includes the fungi and protozoa).

Each one of these has their own classification and identification schemes, follow different biological nomenclature codes and are the focus of attention of independent and separate research communities, comprised by Bacteriologists (including specialists in archaea), Botanists¹⁰, Mycologists, Protozoologists and Virologists.

It is estimated that, on a global scale, the diversity of microorganisms exceeds, in some orders of magnitude, the diversity of plants and animals. Surveys from the 90's state that only 5% of the fungi are currently known, with approximately 69,000 described species. For prokaryotes, including bacteria and archaea, 4,314 species are known, allocated into 849 genera, corresponding between 0.1 to 12% of the diversity estimates for the group. Protozoa and viruses have between 30,800 and 5,000 described species, respectively, corresponding to 31% and 4% of the estimated number of species.

In many cases, characterization of species in some microbial groups is poor, due, partly, to difficulties in growing the organisms in the laboratory and performing routine characterization tests. These deficiencies make the identification of environmental isolates a hard and subjective task. As consequence, many diversity surveys rely on the adoption of low resolution taxonomic schemes, where isolates are frequently assigned to high rank taxonomic groups, such as genera, families or above, or even based on the assignment to major functional groups (diverse organisms that perform common functions in the environment, such as the example of cellulose-degrading microorganisms, including bacteria and fungi).

The considerable dimensions of the microbial diversity make it very difficult to conduct a comprehensive survey on the state-of-the-art at the national level,

turning the effort into a very complex task. The strategy for gathering information on research professionals in areas related to the theme involved two distinct and complementary approaches:

- 1) surveying data on professionals and institutional/departmental/personal lines of research by accessing Brazilian public-domain *Curriculum Vitae* information systems and databases of publications from the last 10 years (1989-1996), and;
- 2) distributing standard questionnaires form gathering data from professionals identified as "research group leaders" and individual researchers holding M.Sc. or higher degrees in the areas of bacteriology, mycology, food, industrial, medical and soil microbiology, fermentation processes, molecular and microbial genetics and virology.

Databases consulted included:

- Who-is-who in Biodiversity ("Quem é Quem em Biodiversidade")¹¹
- the "Cadastro Nacional de Competência em Ciência e Tecnologia", from the CNCT (<http://react.cesar.org.br/cnct/novo-cnct/htmlEstatico/Welcome.html>),
- the directory of research groups in Brazil ("Diretório dos Grupos de Pesquisa no Brasil"), from CNPq, versions 2 (<http://www.cnpq.br/gpesq2/>) and 4 (<http://www.cnpq.br/gpesq3/dgp4/infgeral.html>)
- the Lattes *curriculum vitae* database ("Base de Currículos Lattes", from CNPq, version of March 2003 (<http://lattes.cnpq.br/>)).

Despite the lack of a unified database on researchers and research activities at the time of the first survey¹², and some limitations of some of the sources (records out-of-date, different classification schemes for research areas and activities), and the poor response of the printed questionnaires, compilation of the data obtained allowed us to evaluate the overall state-of-the-art of microbial diversity at the national level.

Results and general trends observed in relation to the geographical distribution of professionals and research lines evaluated at the end of 1996 (first

¹⁰The taxonomy of photosynthetic bacteria, known as blue-green algae, or Cyanophyceae, is also independently worked out by Botanists and ruled by the Botanical Code, following distinct classification schemes from the Bacteriological Code.

¹¹The Ministry of the Environment now coordinates the Biodiversity Information Network ("Rede de Informações em Biodiversidade" - BinBr; <http://www.binbr.org.br/quem>), and the database Who-is-who in Biodiversity ("Quem é Quem em Biodiversidade"), originally sited at Fundação André Tosello (<http://www.bdt.org.br/bdt/whobio/>).

¹²The "Base de Currículos Lattes" of CNPq/MCT represents a unified national information system, holding more than 8 million entries (March/2003) on researchers from different scientific and technological areas.

survey) were corroborated by supplemental surveys conducted by using data from the Lattes CV Database, performed in March 2003¹³.

The geographical distribution of researchers in Microbiology (Table 1) is discontinued in Brazil, and directly linked to the number of research institutions at the different geopolitical regions of the country. The vast majority of professionals are located in institutes in States of the Southeastern (Sudeste: MG, SP and RJ) and Southern (Sul: PR, SC e RS) regions.

Several factors may have contributed for this, including historical and institutional aspects, infra-structure and resources for funding research. However, it is worth noting that the Northern, Northeastern and Central-Western regions encompass areas considered as global biodiversity *hot-spots*”, including the Amazon tropical rainforest, Cerrado (savannah), Pantanal (wetlands) and remaining portions of the Atlantic rainforest. Shortage of professionals working in institutions located near or in the heart of these assets certainly represents a significant limitation to know the microbial diversity of these diversity hot-spots areas of Brazil.

Table 1. Geographical distribution of professionals and institutions related to microbial diversity research in Brazil (data from 1996).

Regions	Institutions	Professionals
North/Northeast	4	5
Central-West	4	9
South-east	22	62
South	6	15
Total	36	91

Results from a supplemental survey done in March 2003 (Table 2), using the Lattes database (<http://lattes.cnpq.br>), did not reveal a large increment in the number of researchers assigned to the category “Microbiology”, listed both under the Biology (coded 2120) and Agriculture (coded 5010) science directories, compared to data from 1996. Again, most professionals figured in institutions from the Southeastern (59%) and Southern (17)% regions (Figure 1).

Table 2. Number of researchers assigned to areas of Microbiology (coded 2120) and Agricultural Sciences (coded 5010) in the Lattes database (CNPq/MCT, 19/March/2003).

¹³More data can be found in the site <http://www.mma.gov.br/port/sbf/chm/doc/microb.pdf>.

Classification CNPq	Areas	Total per main area ^a	%	Total with redundancy ^b	%
2120009	Microbiology	394	18,0	1018	18,4
21201005	Biology and Physiology of Microorganisms	109	5,0	443	8,0
21201013	Virology	176	8,0	327	5,9
21201021	Bacteriology	250	11,4	536	9,7
21201030	Mycology	160	7,3	354	6,4
21202001	Applied Microbiology	226	10,3	826	15,0
21202010	Medical Microbiology	366	16,7	753	13,6
21202028	Industrial e and Fermentation Microbiology	229	10,5	594	10,8
50101048	Soil Microbiology and Biochemistry	242	11,1	468	8,5
50102044	Agricultural Microbiology	37	1,7	205	3,7
TOTAL		2.189		5.524	

^aProfessionals that selected the specific areas as their major in the database system. ^bProfessionals that selected the area as one of their research fields.

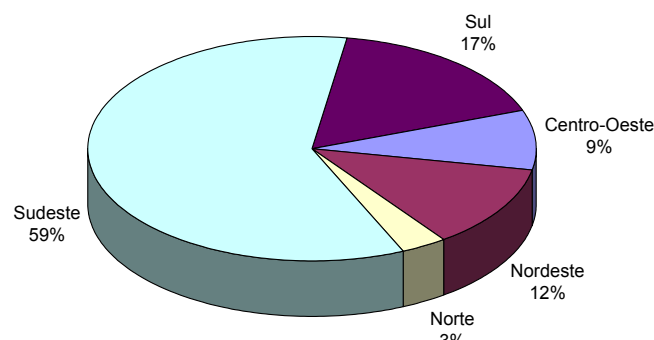


Figure 1. Geographical distribution of institutions from professionals classified in the main areas Microbiology (code 2120) and Agriculture (code 5010) in the Lattes database (CNPq/MCT, 19/March/2003).

A detailed analysis of research lines and publications from the different groups identified in this survey indicated that, as a whole, research in microbial diversity, and, consequently, **the specific knowledge on the extent of the diversity of microorganisms in Brazil, is limited to a small number of researchers and to a relatively narrow range of taxonomic groups, with heterogeneous geographical coverage.**

Research projects are mainly focused into taxonomic characterization and identification of specific microbial groups, using classical methods (phenotypical) based on growing the organisms and observation of morphological features, metabolism and physiology. The use of molecular characterization and culture-independent methods, aimed at the study of complex microbial communities in

the environment and at characterizing the infra-specific genetic diversity was identified in 06 groups, some still working to consolidate their research groups in the field.

Taxonomic diversity of genera and species of microorganisms in Brazil is better known and documented for the filamentous fungi. There are rich and diversified literature sources, including taxonomic revisions and species inventories conducted in Brazilian biomes. However, these tend to be concentrated in a reduced range of taxa.

Diversity of archaea, bacteria, yeasts, protozoa and viruses, mainly for groups isolated from the environment, is still poorly known. Literature on these groups in Brazil is mainly focused, and somewhat restricted to, clinical microorganisms, plant pathogens and agriculture inoculants (*e.g.*, rhizobia).

Basically, two main lines of research and academic training are evident in Brazil:

- determinative microbiology: practiced mainly in the areas of clinical and food microbiology, where detection and identification of microorganisms are based upon standardized procedures, developed for the main classes of human, animal and plant pathogens;
- systematic microbiology, *sensu lato*: practice is restricted to few research groups, related to taxonomic and characterization studies of environmental microorganisms.

Clinical microbiology showed greater development compared to environmental microbiology. Several research groups with long term research tradition and international reputation are still active, and mainly linked to research in microorganisms of importance to public health, such as protozoa and viruses. Microorganisms associated to tropical diseases are still important research topics in Institutions such as Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Instituto Evandro Chagas and Universidade de São Paulo (USP). Consolidated groups in Bacteriology were identified at Instituto Adolfo Lutz (IAL), Instituto de Medicina Tropical da Universidade de São Paulo (IMT/USP) and Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), whereas medical mycologists were identified at the DPUA, Universidade do Amazonas and IMT/USP.

Research in environmental microbiology is gaining strength, with emerging groups focusing biomes from the Amazon rainforest (Universidade do Amazonas), Central Cerrado (savannah, Universidade de Goiás) and Atlantic Rainforest

(Universidade Federal de Pernambuco, Universidade Federal do Rio de Janeiro and Universidade de São Paulo).

In addition, specialists in microorganisms of agricultural, environmental, industrial and in food microbiology are found in several centers, including EMBRAPA, IBSBF/Instituto Biológico, CNEN/PC-SP, SEMIA/IPAGRO (Piracicaba, SP), DTPE/CETESB (SP), INCQS/FIOCRUZ, Instituto de Pesquisas Tecnológicas (IPT, SP) Instituto de Tecnologia de Alimentos (ITAL, SP), Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Universidade de Brasília (UnB) and Universidade de São Paulo (USP).

Know-how and resources in systematic microbiology, including installed capacity for polyphasic taxonomy, molecular systematics and culture-independent studies, needed in the analyses of complex microbial communities, require specific infra-structure and training. The expertise and application of these methods are still limited to a few research groups and institutions.

Lack of support of microbial culture collections was raised as a critical limitation to the development of environmental microbiology in Brazil. Important scientific collections, with holdings of microalgae, protozoa, bacteria, filamentous fungi, yeasts and cell lines, are mainly located in Research Institutes and Universities of the Southeastern and Southern regions. In contrast, the regions considered diversity-rich, such as the North and Central-West areas of the country, have a limited number of collections.

Data from a survey carried out between 1982 and 1989¹⁴ listed a total of 36 collections, with holdings of algae (7), bacteria (18), filamentous fungi and yeasts (18), protozoa (4), viruses (1) and animal cell cultures (1). It remains, still, a large information void, given the limited data on the status and degree of conservation of holdings, documentation, availability of data on electronic format, human resources and, overall, on users, usage and research based on the holdings. In a recent initiative from MCT (Project SICol)¹⁵, information on biological resource centers are being organized in an Internet-based system, integrating collections of interest for biodiversity, biotechnology, and industrial applications in the country.

Acknowledgments. Thomas Michael Lewinsohn for the opportunity of taking part in this survey and constant motivation. Manuela da Silva and Lyriam Lobo Rosa Marques for helping organize and analyze the 1996 survey data. Charles Henrique de Araújo and Geraldo Sorte from CNPq/MCT for

¹⁴Canhos, V.P.; Souza, S. & Canhos, D.A.L. (eds.). (1989). Catálogo nacional de linhagens, vol. I – Bactérias. Campinas: Fundação Tropical de Pesquisas e Tecnologia "André Tosello".

¹⁵Sistema de Informação de Coleções de Interesse Biotecnológico - SICol; <http://sicol.cria.org.br/>.

helping with searches in the Lattes databases in 2003. To the researchers and colleagues that contributed with data.

Resumo

O estado do conhecimento sobre a diversidade de microrganismos no Brasil, enfocando grupos microbianos diversos, incluindo arqueas, bactéria, fungos filamentosos e leveduras, protozoários e vírus, e grupos de pesquisa atuantes no tema biodiversidade microbiana, foram objeto de um extenso levantamento realizado em escala nacional, integrando uma das tarefas do Projeto "Estratégia Nacional de Biodiversidade" (BRA97G31-MMA/GEF/PNUD), do "Programa Nacional de Diversidade Biológica" (PRONABIO), Ministério do Meio Ambiente - MMA (Secretaria de Biodiversidade e Florestas - SBF, Diretoria de Conservação da Biodiversidade - DCBio).

Fontes de dados para o levantamento incluíram questionários enviados para pesquisadores líderes-de-grupo e pesquisadores individuais nas áreas de bacteriologia, micologia, virologia, microbiologia de solos, microbiologia médica, microbiologia de alimentos, microbiologia industrial e de fermentações e genética molecular, além de consultas a bases de dados de currículos, cadastros de grupos de pesquisa disponíveis em agências de fomento nacionais e publicações científicas de pesquisadores brasileiros em revistas científicas indexadas (busca retroativa de 10 anos).

Segundo dados do CNPq, existia no Brasil, em 1996, um total de 2.190 pesquisadores atuantes em Microbiologia, alocados em 137 instituições, concentradas principalmente na região Sudeste (104), seguido pelas regiões Sul (11), Nordeste (11), Norte (7) e Centro-Oeste (4). Das 957 linhas de pesquisa identificadas, a grande maioria correspondia a pesquisas nas áreas de Biotecnologia (464) e Saúde (451), seguidas de Ciências Ambientais (160), Produção Animal (74) e Vegetal (58), Nutrição e Alimentação (47) e Indústria Farmacêutica (44).

Uma análise detalhada das linhas de atuação e publicações dos diferentes grupos de trabalho identificados nos levou a concluir que a pesquisa em diversidade microbiana e, conseqüentemente, o conhecimento da diversidade de microrganismos no Brasil, é limitado a um número reduzido de pesquisadores, a poucos grupos taxonômicos e apresenta uma cobertura geográfica heterogênea. As pesquisas são, em sua maioria, voltadas para a caracterização taxonômica e identificação de grupos microbianos específicos, empregando metodologias clássicas, baseadas no cultivo e observação de propriedades morfológicas, metabolismo e fisiologia. O emprego de metodologias de caracterização molecular e métodos independentes-de-cultivo para o estudo de comunidades microbianas complexas no meio ambiente e para a caracterização da diversidade genética infra-específica foi identificado em apenas seis grupos de pesquisa no país, ainda em estágio de formação e consolidação de equipes.

Estima-se, em nível global, que a diversidade de microrganismos exceda, em algumas ordens de magnitude, a diversidade de plantas e animais. Levantamentos estimativos da década de 90 propuseram que apenas 5% da diversidade de fungos é atualmente conhecida, com aproximadamente 69.000 espécies descritas. Para procariotos, incluindo bactérias e arqueas, são conhecidas 4.314 espécies, alocadas em 849 gêneros, correspondendo entre 0.1 a 12% da diversidade do grupo. Protozoários e vírus apresentam cerca de 30.800 e 5.000 espécies descritas, correspondendo a 31% e 4% do número de espécies estimado, respectivamente.

A diversidade taxonômica de gêneros/espécies de microrganismos no Brasil é mais amplamente conhecida e melhor documentada para os fungos filamentosos, com uma literatura impressa diversificada, incluindo revisões taxonômicas e levantamentos de espécies em diferentes regiões geográficas e biomas. Estes levantamentos, contudo, tendem a se concentrar em um número reduzido de táxons.

A diversidade de arqueas, bactérias, leveduras, protozoários e vírus, principalmente de organismos isolados do ambiente, é ainda muito pouco

conhecida. Publicações para estes grupos restringem-se principalmente à caracterização de microrganismos isolados, geralmente de interesse médico ou que representem riscos de doenças para plantas de importância agrícola, e a estudos de quantificação de grupos microbianos funcionais.

Na análise de dados do levantamento, pode-se perceber claramente que o conhecimento da diversidade de microrganismos no Brasil é ainda pouco expressivo. Existe um déficit de recursos humanos com formação em taxonomia e sistemática em todos os grupos de microrganismos citados. Conhecimentos em taxonomia polifásica, sistemática molecular e métodos independentes-de-cultivo aplicáveis ao estudo de comunidades microbianas complexas no ambiente são, ainda, pouco utilizados e restritos a grupos de pesquisa específicos.

Programas de fomento à pesquisa e de indução à formação de recursos humanos em áreas específicas, tais como o Programa Biota-FAPESP, o Programa Induzido de Microbiologia (PIM, CNPq) e chamadas específicas de programas de pesquisa científica e tecnológica na área de Biotecnologia (PADCT e MCT), foram identificados como contribuições importantes para o desenvolvimento de estudos de caracterização da diversidade, potencial biotecnológico e avanço da pesquisa em sistemática e taxonomia de microrganismos no Brasil.

Resultados de uma re-avaliação do "estado da arte", baseada em um levantamento adicional de dados realizado em março de 2003 (Base de Currículos Lattes, CNPq/MCT), corroboraram as tendências gerais apontadas no levantamento realizado em 1995-96, ressaltando a predominância de profissionais na área médica (16,7%) e microbiologia industrial e de fermentações (10,5%), e a concentração de pesquisadores nas regiões Sudeste (60%) e Sul (17%) do país.

Microrganismos - um grupo heterogêneo, diversificado, complexo e ainda pouco conhecido

Microrganismo compreende uma definição taxonômica que congrega grupos variados de organismos unicelulares microscópicos, que vivem na natureza como células isoladas ou em agregados celulares. Esta definição congrega os grupos bactérias, arqueas, fungos, protozoários e vírus. A diversidade microbiana, considerando-se os parâmetros de diversidade de espécies e diversidade genética, suplanta, em algumas ordens de magnitude, a diversidade existente em todos os demais grupos de seres vivos.

Os microrganismos foram os primeiros seres vivos a colonizar a Terra. Estima-se que os primeiros microrganismos apareceram a mais de 3,5 milhões de anos (Figura 1), em um período geológico onde a Terra passava por grandes transformações geológicas e químicas, e a atmosfera ainda não tinha oxigênio (Atlas & Bartha, 1998). A ação de processos metabólicos microbianos ao longo de milhões de anos resultou na formação de uma atmosfera rica em oxigênio, permitindo o surgimento e evolução de novas formas de vida aeróbias, organismos multicelulares complexos, plantas e animais superiores.

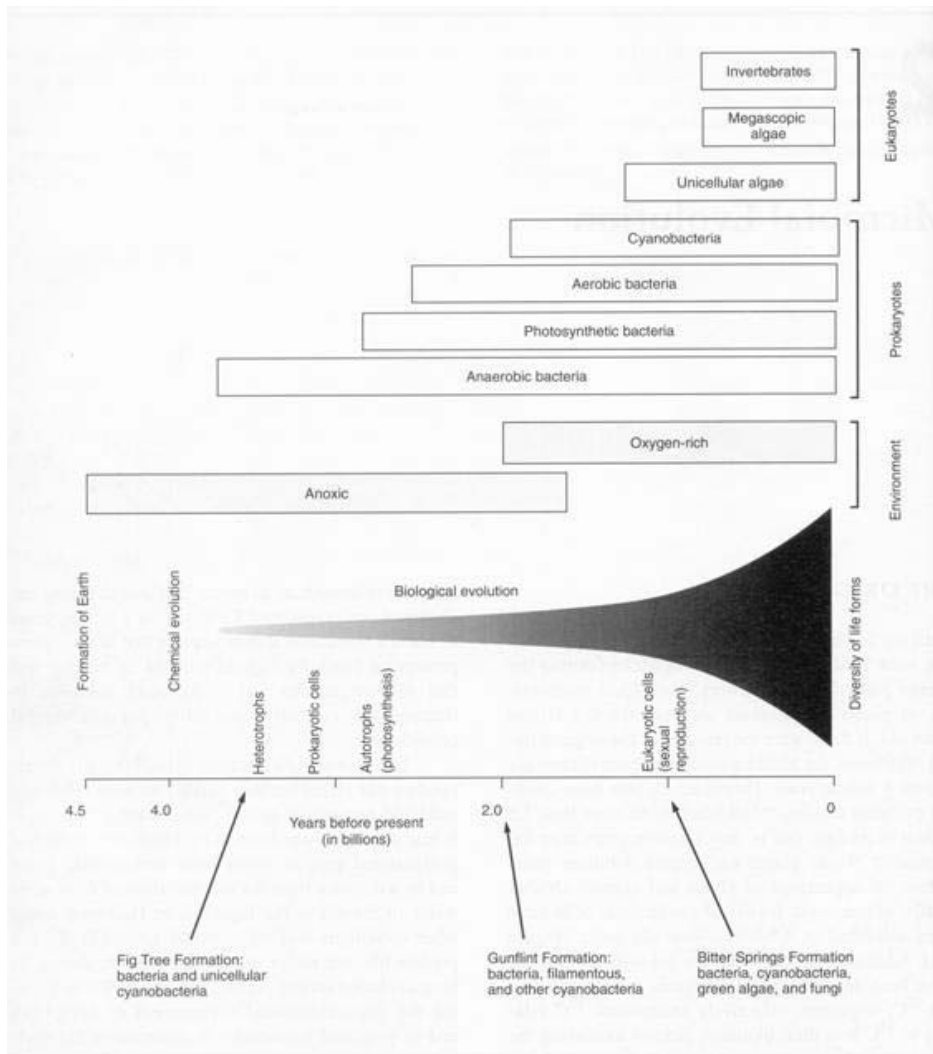


Figura 1. Esquema da evolução da vida na Terra e sua relação com a evolução dos microrganismos (Schopf, 1978; adaptado de Atlas & Bartha, 1998).

Hoje, microrganismos ocorrem em praticamente todos os ambientes do planeta, podendo sobreviver em locais cujas condições ambientais extrapolam os limites de tolerância de animais e plantas. Devido à sua relativa simplicidade morfológica e grande diversidade genética e metabólica, os microrganismos se adaptaram evolutivamente para viver em habitats e condições diversas no planeta, como em baixas concentrações de nutrientes e baixa atividade de água (*e.g.*, fungos xerófilos em ambientes desérticos), extremos de temperatura, salinidade,

pH e pressão, como nas regiões polares (Ravenschlag *et al.*, 1999), em fontes geotermiais (Barns *et al.*, 1994), lagos alcalinos, ambientes abissais marinhos (Kato *et al.*, 1997), subsolo (Ghiorse & Wilson, 1988; Balkwill *et al.*, 1997; Chandler *et al.*, 1998), no interior de rochas subterrâneas (Pedersen *et al.*, 1996) e em depósitos de petróleo (Orphan *et al.*, 2000).

A existência e a diversidade de seres vivos no planeta estão intimamente ligadas à diversidade e à atividade metabólica de microrganismos na natureza (Lovelock, 1988; Stolz *et al.*, 1989; Trüper, 1992). O papel dos microrganismos na manutenção dos processos biológicos ainda é pouco conhecido. Sabe-se, contudo, que os microrganismos participam de processos ecológicos bastante importantes, tais como a fotossíntese oxigênica, ciclagem de matéria orgânica, ciclos biogeoquímicos, e manutenção da fertilidade e estrutura de solos (Stolz *et al.*, 1989; Trüper, 1992; Hawksworth, 1991a,b).

Apesar de sua grande importância ecológica, o número de táxons microbianos conhecidos e descritos (diversidade de espécies) representa apenas uma pequena fração da diversidade microbiana encontrada na natureza. Estudos baseados na análise direta da diversidade de bactérias no meio ambiente, através do emprego de métodos moleculares, têm revelado um cenário composto por uma rica diversidade de organismos ainda não-cultivados e não estudados em laboratório (Ward *et al.*, 1990; Bornema & Triplett, 1997; Kuske *et al.*, 1997; Ludwig *et al.*, 1997; Pace, 1997; Hugenholtz *et al.*, 1998a, b).

Historicamente, o desenvolvimento da Microbiologia como ciência foi fortemente influenciado pela necessidade de conhecimento sobre os microrganismos causadores de doenças no homem e em outros animais (Atlas & Bartha, 1998). Durante várias décadas, pesquisadores concentraram esforços no desenvolvimento de métodos para detecção, isolamento e cultivo de microrganismos em condições de laboratório. Os protocolos de cultivo asséptico desenvolvidos por Koch (1883) influenciam de maneira decisiva o desenvolvimento da Microbiologia até os dias de hoje.

A definição de cunho informal do termo "microrganismo" acarreta problemas de natureza prática, pois congrega uma diversidade biológica muito ampla sob os auspícios da Microbiologia. Empregada para designar organismos não-visíveis a olho nu, que ocorrem na natureza como células unitárias ou em agregados de células, sob o aspecto taxonômico, esta definição engloba organismos filogeneticamente distintos, incluindo tanto organismos procariotos, as arqueobactérias (Archaea) e bactérias, como eucariotos, as algas microscópicas (cianofíceas), fungos filamentosos, leveduras e protozoários, além da vasta diversidade de vírus.

Atualmente, a classificação filogenética de microrganismos, derivada da análise de seqüências do ácido ribonucléico ribossomal, ou RNAr (Woese *et al.*, 1990), e de outros genes conservados, aloca os diferentes grupos em três grandes Domínios (Figura 2): Bacteria, Archaea e Eucarya.

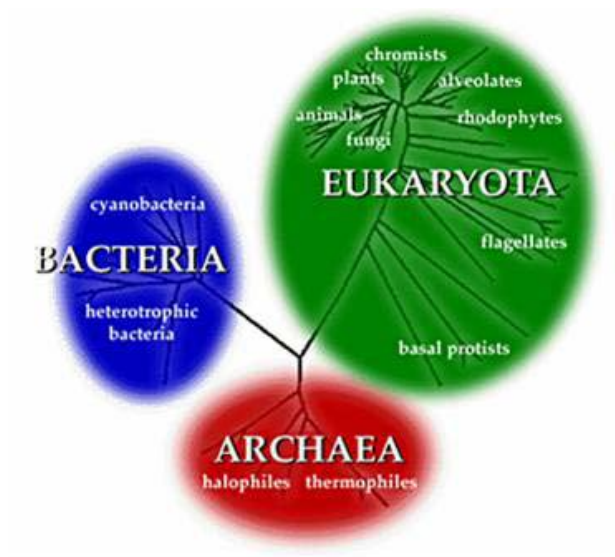


Figura 2. Microrganismos e sua distribuição nos Domínios Archaea, Bacteria e Eucarya.

Vírus, que são elementos genéticos não-celulares e não têm várias das estruturas e mecanismos básicos necessários à sua auto-replicação e manutenção, são também agregados ao escopo de estudo da Microbiologia. Vírus dependem, para sua replicação e processos de síntese de proteínas e de componentes virais, de estarem em interação dinâmica com uma célula hospedeira, sendo considerados, por alguns autores, como parasitas intracelulares obrigatórios.

Cada um dos grupos citados acima apresenta esquemas de classificação e identificação distintos, seguem diferentes códigos de nomenclatura biológica e são objetos de estudo de comunidades de pesquisadores independentes que, muitas vezes, partilham poucos interesses em comum. Em uma avaliação mais criteriosa, podemos afirmar que a Microbiologia engloba linhas de pesquisa independentes, compreendidas por Bacteriologistas (que incluem, ainda hoje, os especialistas em arqueas), Botânicos¹⁶, Micologistas, Protozoologistas e Virologistas.

Fatores que têm contribuído para a falta de conhecimento sobre a diversidade microbiana em amostras ambientais são, em grande parte, relacionados às limitações dos métodos tradicionalmente utilizados para o isolamento e cultivo de microrganismos em laboratório (Palleroni, 1996), incluindo a utilização de meios e condições de cultivo incompatíveis com as condições encontradas no ambiente natural dos microrganismos.

Dados derivados de estudos comparativos apontam para o fato de que apenas uma pequena fração dos microrganismos na natureza, entre <0.1 a 1%, dependendo do hábitat, são cultivados através do emprego de métodos microbiológicos convencionais (Amann *et al.*, 1995). Um grande número de fatores pode ser apontado para a dificuldade no cultivo de microrganismos em condições de laboratório, incluindo o pouco conhecimento sobre os requisitos nutricionais e biologia de organismos presentes em amostras ambientais diversas. Além disto, a distribuição numérica desigual de táxons na natureza favorece a recuperação de

grupos de organismos de crescimento rápido e melhor adaptados às condições de cultivo utilizadas nos experimentos de isolamento. Frente a estes argumentos, é razoável afirmar que a descrição de comunidades microbianas não pode ser baseada apenas no uso de técnicas que envolvem isolamento e cultivo (Pace *et al.*, 1985; Ward *et al.*, 1990; Kuske *et al.*, 1997).

Diversos trabalhos evidenciaram de maneira clara a desproporção existente entre o conhecimento da diversidade de microrganismos em relação à diversidade de outros táxons relativamente melhor estudados, como animais superiores e plantas (Tabela 1). Apesar das estimativas da diversidade de alguns grupos de microrganismos terem sido baseadas em inferências a partir de um número relativamente reduzido de estudos (Tabela 1), os números citados podem ser avaliados como indicadores da ordem de grandeza do problema taxonômico a ser enfrentado.

Aliado ao pouco conhecimento disponível sobre a diversidade microbiana, existe, ainda, uma relativa escassez de material-referência para taxonomia disponível em coleções biológicas para estes grupos de seres vivos. Os dados apresentados na Tabela 2 ilustram a quantidade de material referência, preservado em coleções de culturas microbianas na forma de culturas viáveis de microrganismos, em relação ao número de espécies conhecidas e estimadas no planeta. Estes dados, apesar de parciais e incompletos, ilustram uma dificuldade prática que pesquisadores em taxonomia microbiana enfrentam para obtenção de material-referência para ensaios de caracterização em laboratório e revisão taxonômica de grupos microbianos.

¹⁶A taxonomia de bactérias fotossintéticas do grupo das cianofíceas, ou algas azuis, é também trabalhada independentemente pela comunidade de Botânicos, segundo esquemas de classificação distintos do Código de Bacteriologia.

Tabela 1. Número global de espécies na biosfera terrestre baseado em dados estimativos de diferentes fontes.^a

Grupo ^b	Número aproximado de espécies conhecido	Número estimado de espécies	No. conhecido como % do no. estimado
Plantas			
Algas	40.000	60.000	67
Dicotiledôneas	170.000		
Pteridófitas	10.000		
Monocotiledôneas	50.000		
Musgos	17.000	25.000	68
Animais			
Aves	9.000	9.100	~100
Peixes	19.000	21.000	90
Insetos	800.000	2.000.000 a 80.000.000 <i>ou</i> 5.000.000 a 10.000.000 ^c	1 a 40 <i>ou</i> 8 a 16
Mamíferos	4.000	4.000	~100
Nematóides	15.000	500.000	3
Répteis e anfíbios	9.000	9.500	95
Microrganismos			
Fungos	69.000	1.500.000	5
Procariotos ^d	4.760	40.000 a 3.500.000	0.1 a 12
Protozoários	30.800	100.000	31
Vírus	5.000	130.000	4

^aDados compilados a partir de Stork (1988), Wilson (1988), Hawksworth (1991a), Bull *et al.* (1992) e World Conservation Monitoring Centre (1992). ^bNomes dos grupos refletem definições coloquiais e não são empregados no sentido taxonômico formal. ^cEstimativas dos limites superiores baseadas em associações biológicas com plantas. ^dInclui Archaea e Bacteria. Estimativas dos limites superiores incluem bactérias não-cultivadas.

Tabela 2. Número conhecido e estimado de espécies microbianas em relação a material depositado em coleções de culturas.^a

Grupo ^b	Número de espécies aproximado		Material disponível em coleções de culturas		
	Conhecido	Estimado	Total por grupo	% do número de espécies conhecidas	% do número estimado de espécies
Algas	40.000	60.000	1.600	4.0	2.6
Bactérias	4.760	30.000	2.300	48.3	7.7
Fungos	69.000	1.500.000	11.500	16.7	0.8
Vírus	5.000	130.000	2.200	44.0	1.7

^aModificado a partir de Nisbet e Fox (1991). ^bNomes dos grupos refletem definições coloquiais e não são empregados no sentido taxonômico formal.

O conhecimento sobre a biogeografia de organismos é fundamental para se determinar a real extensão da diversidade microbiana, identificação de táxons ameaçados de extinção e de funções ecológicas de espécies nos ecossistemas (Staley & Gosink, 1999). Para os propósitos de bioprospecção e biotecnologia, o conhecimento de biogeografia é importante para a definição de estratégias de busca e descoberta, ou seja, “onde procurar” por recursos biológicos potencialmente novos, e na definição de áreas de conservação de recursos biológicos e *pools* gênicos ricos em diversidade (Bull *et al.*, 2000).

A biogeografia microbiana é uma questão bastante controversa e existem debates acirrados entre pesquisadores da área sobre a aplicação deste conceito em microbiologia. Ecologistas microbianos e taxonomistas tenderam a ser relativamente pouco críticos em relação às colocações de Beijerinck e Baas-Becking (Staley & Gosink, 1999) de que bactérias (e por extensão todos os microrganismos) são cosmopolitas. A afirmação de que “*Tudo está em todo lugar... (Everything is everywhere...)*”, à qual Baas-Becking adicionou “... e o ambiente seleciona...”, prepondera ainda hoje em diversos meios da Microbiologia.

Contudo, enfoques contemporâneos de pesquisa contestam estas colocações tradicionais e evidências experimentais de que a biogeografia pode ter um papel importante em microbiologia vêm se acumulando na literatura (Béjà *et al.*, 2002). Alguns autores argumentam que estudos de

biogeografia microbiana devam ser conduzidos na escala de variação infra-específica, dada a forte inter-relação entre fatores ambientais e geográficos e a especiação de microrganismos. O termo "geovar" (Staley & Gosink, 1999) foi proposto para especificar a variedade de um dado microrganismo endêmico a uma área específica ou hospedeiro.

Estratégia do Levantamento de Dados

A avaliação do estado do conhecimento sobre a diversidade de microrganismos no Brasil, enfocando grupos microbianos diversos, incluindo arqueas, bactéria, fungos filamentosos e leveduras, protozoários e vírus, além dos grupos de pesquisa atuantes no tema biodiversidade microbiana, foi parte integrante de um extenso levantamento coordenador pelo Dr. Thomas M. Lewinsohn, no Projeto "Estratégia Nacional de Biodiversidade" (BRA97G31-MMA/GEF/PNUD), do "Programa Nacional de Diversidade Biológica" (PRONABIO), Ministério do Meio Ambiente - MMA (Secretaria de Biodiversidade e Florestas - SBF, Diretoria de Conservação da Biodiversidade - DCBio).

Fontes de dados para o levantamento incluíram questionários enviados para pesquisadores líderes-de-grupo e pesquisadores individuais nas áreas de bacteriologia, micologia, virologia, microbiologia de solos, microbiologia médica, microbiologia de alimentos, microbiologia industrial e de fermentações e genética molecular, além de consultas a bases de dados de currículos, cadastros de grupos de pesquisa disponíveis em agências de fomento nacionais e publicações científicas de pesquisadores brasileiros em revistas científicas indexadas (busca retroativa de 10 anos).

Alguns aspectos inerentes aos microrganismos como "grupo taxonômico", conforme descrito anteriormente, aliados à vasta extensão territorial e riqueza de biomas brasileiros, tornaram este levantamento uma tarefa bastante complexa.

Em contraste com plantas e animais, excetuando-se, possivelmente, os insetos e nematóides, a diversidade da maioria dos grupos microbianos é ainda pouco conhecida. Em muitos casos, a caracterização das espécies

também é pobre em informação, devido, em parte, às dificuldades de cultivo e realização de ensaios de caracterização convencionais. Isso traz reflexos diretos sobre a sistemática de muitos grupos microbianos, seja na utilização de esquemas taxonômicos em estudos ambientais, seja na falta de conteúdo de informação das descrições de espécies publicadas, que não permite uma identificação adequada de muitos isolados. Estas deficiências tornam o processo de identificação de isolados ambientais uma tarefa árdua e imprecisa. Como conseqüência, muitos levantamentos de diversidade de microrganismos utilizam esquemas de triagem onde os isolados são, freqüentemente, identificados em nível de gênero, família ou acima.

Dependendo do foco dos estudos, é possível que a realização de levantamentos de diversidade seja feita com base na classificação de grandes grupos funcionais em uma dada comunidade microbiana ou ambiente, como, por exemplo, o isolamento seletivo de fungos degradadores de celulose ou de bactérias heterotróficas mesofílicas aeróbias¹⁷.

Nestes tipos de levantamentos não se pode descartar a possibilidade de que parte dos isolados encontrados representará novas espécies ainda desconhecidas para a ciência, principalmente nos estudos realizados em regiões de megadiversidade biológica, como, por exemplo, a Mata Atlântica e a Amazônia.

Frente a este cenário de biodiversidade microbiana com dimensão e abrangência extraordinárias, a realização de um levantamento sobre o estado do conhecimento em nível nacional se torna uma tarefa bastante complexa. Cabe, então, uma nota de alerta ao leitor quanto à interpretação dos resultados desta pesquisa.

A estratégia de coleta de informações sobre profissionais atuantes em pesquisa, cujas linhas de atuação envolvessem o tema "diversidade microbiana", compreendeu duas abordagens:

¹⁷ Bactérias capazes de utilizar compostos de carbono e nitrogênio, que crescem em temperaturas entre 25 a 40° C, na presença de oxigênio.

- a) levantamento de profissionais e linhas de atuação através de consultas em bases de dados e publicações relevantes da área nos últimos 10 anos (1989-1996), e,
- b) distribuição de questionários-padrão para coleta de dados entre os profissionais identificados como “líderes-de-grupo” de pesquisa atuantes no país e pesquisadores individuais com nível de formação de mestrado ou acima.

As bases de dados consultadas para o levantamento de dados foram:

- “Quem é Quem em Biodiversidade”¹⁸
- “Cadastro Nacional de Competência em Ciência e Tecnologia”, do CNCT (<http://react.cesar.org.br/cnct/novo-cnct/htmlEstatico/Welcome.html>),
- “Diretório dos Grupos de Pesquisa no Brasil”, do CNPq, versão 2 (<http://www.cnpq.br/gpesq2/>) e versão 4 (<http://www.cnpq.br/gpesq3/dgp4/infgeral.html>)
- Base de Currículos Lattes, CNPq, versão mar/2003 (<http://lattes.cnpq.br/>).

Apesar da inexistência de um cadastro único de informações na ocasião da amostragem¹⁹, classificações de “áreas de atuação” desatualizadas e imprecisas em algumas das bases consultadas, dificuldade de acesso a informação atualizada e dificuldades inerentes ao retorno de informações na coleta de dados realizada via questionários impressos, a compilação dos dados levantados permitiu uma avaliação global do cenário nacional de pesquisa em diversidade microbiana. Dados básicos relativos à distribuição geográfica de profissionais na área de Microbiologia e respectivas linhas de pesquisa foram obtidos.

Por mais extenso e abrangente que o escopo deste levantamento tenha sido, uma análise do conhecimento efetivamente acumulado para os

¹⁸O Ministério do Meio Ambiente assumiu a coordenação da “Rede de Informações em Biodiversidade” (BinBr; <http://www.binbr.org.br/quem>), que congrega a base de dados “Quem é Quem em Biodiversidade”, originalmente sediada na Fundação André Tosello (<http://www.bdt.org.br/bdt/whobio/>).

diferentes grupos microbianos e da representatividade de especialistas no país deve ser avaliada com cautela. Apesar do cruzamento de informações oriundas de diferentes fontes, é possível que pesquisadores e trabalhos de pesquisa, porventura não cadastrados nas bases de dados consultadas na ocasião da amostragem, não tenham sido representados na avaliação. Os resultados aqui apresentados representam, em última instância, um retrato do estado do conhecimento na ocasião da amostragem (final de 1996). Entretanto, as tendências gerais foram corroboradas pelos resultados de um levantamento de dados complementar, realizado na Base de Currículos Lattes em março de 2003 (Tabela 4), conforme discutido adiante.

Detalhes do levantamento realizado e acesso aos dados brutos obtidos podem ser consultados em documentação disponível na Internet no *site* de publicações da Diretoria de Conservação da Biodiversidade (DCBIO), Ministério do Meio Ambiente (*Avaliação do Estado Atual do Conhecimento Sobre a Diversidade Microbiana no Brasil: Relatório Final – Revisado*; <http://www.mma.gov.br/port/sbf/chm/doc/microb.pdf>).

A distribuição geográfica de pesquisadores em Microbiologia (Tabela 3) evidencia claramente uma distribuição desigual no país, diretamente relacionada ao número de instituições atuantes nas diferentes regiões. A grande maioria dos profissionais estão localizados em instituições na região Sudeste (MG, SP e RJ) e Sul do país (PR, SC e RS), com ocorrência reduzida nas demais regiões (Norte (TO), Nordeste (BA e PE) e Centro-Oeste (DF e GO)).

Vários fatores, incluindo aspectos históricos da localização das instituições, infra-estrutura e disponibilidade de recursos para pesquisa, certamente contribuem para a distribuição observada. Contudo, cabe salientar que as regiões Norte/Nordeste e Centro-Oeste englobam áreas consideradas como “*hot-spots*” de diversidade biológica no mundo, incluindo as formações da Floresta Amazônica, Cerrado, Pantanal e algumas áreas remanescentes da Mata Atlântica. A escassez de

¹⁹A Base de Currículos Lattes do CNPq/MCT representa, hoje, um sistema unificado nacional de informações, congregando mais de 270 mil registros (março/2003) de pesquisadores em diferentes

profissionais atuantes nestas regiões certamente representa uma limitação expressiva ao desenvolvimento de estudos da diversidade de microrganismos nestes ambientes de elevada diversidade biológica no país.

Tabela 3. Distribuição geográfica de profissionais e instituições ligadas à pesquisa em diversidade microbiana no Brasil no ano de 1996.

Macro-regiões	Instituições	Pesquisadores
Norte/Nordeste	4	5
Centro-Oeste	4	9
Sudeste	22	62
Sul	6	15
Total	36	91

Em levantamento de dados realizado em março de 2003 (Tabela 4) na base de dados do sistema Lattes (<http://lattes.cnpq.br>), não verificamos um incremento no número de pesquisadores enquadrados em Microbiologia na área temática de Ciências Biológicas (grupo 2120) e Ciências Agrícolas (5010), comparado com os dados de 1996. Novamente, a maior distribuição das instituições de atuação destes pesquisadores (Figura 3) foi nas regiões Sudeste (59%) e Sul (17)%.

Tabela 4. Número de pesquisadores classificados nas áreas de Microbiologia (2120) e Ciências Agrícolas (5010) no sistema Lattes do CNPq/MCT em (19/mar/2003).

Classificação CNPq	Área do conhecimento	Total por área principal ^a	%	Total com redundância ^b	%
2120009	Microbiologia	394	18,0	1018	18,4
21201005	Biologia e Fisiologia dos Microorganismos	109	5,0	443	8,0
21201013	Virologia	176	8,0	327	5,9
21201021	Bacterologia	250	11,4	536	9,7
21201030	Micologia	160	7,3	354	6,4
21202001	Microbiologia Aplicada	226	10,3	826	15,0
21202010	Microbiologia Médica	366	16,7	753	13,6
21202028	Microbiologia Industrial e de Fermentação	229	10,5	594	10,8
50101048	Microbiologia e Bioquímica do Solo	242	11,1	468	8,5
50102044	Microbiologia Agrícola	37	1,7	205	3,7
TOTAL		2.189		5.524	

^aPesquisadores que selecionaram a área de conhecimento como sua área principal no sistema. ^bPesquisadores que selecionaram a área como uma das suas áreas de atuação.

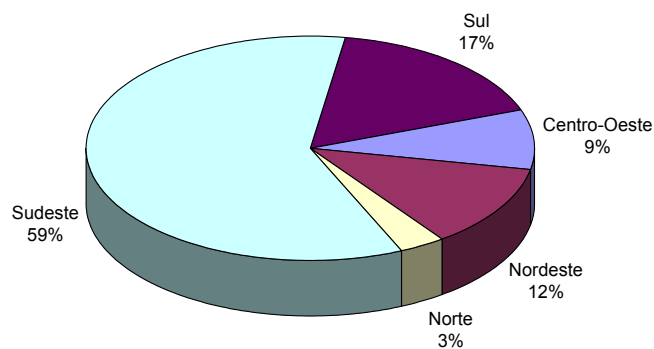


Figura 3. Distribuição geográfica das instituições dos pesquisadores classificados como áreas principais Microbiologia (2120) e Ciências Agrícolas (5010) no sistema Lattes do CNPq/MCT em (19/mar/2003).

Linhas de pesquisa em diversidade microbiana

Basicamente, duas linhas principais de formação em Microbiologia podem ser apontadas no Brasil:

- formação em microbiologia determinativa, praticada nas áreas de microbiologia clínica e de alimentos, onde a detecção e identificação de organismos é baseada em esquemas padronizados para os principais grupos de microrganismos com risco potencial para a saúde pública;
- microbiologia sistemática *sensu lato*, de prática restrita a poucos grupos de trabalho relacionados à caracterização e estudos taxonômicos de microrganismos isolados do meio ambiente.

A microbiologia clínica teve, historicamente, um maior avanço que a microbiologia ambiental devido à sua importância para a saúde pública no Brasil. Diversos grupos com tradição em pesquisa de nível internacional em protozoários e vírus associados a doenças tropicais são ainda hoje atuantes, em instituições de pesquisa tais como a Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), o Instituto Evandro Chagas e a Universidade de São Paulo (USP), além de grupos de pesquisa consolidados em bacteriologia, como as equipes do Instituto Adolfo Lutz (IAL), Instituto de Medicina Tropical da Universidade de São Paulo (IMT/USP) e Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), e em micologia, como o grupo da DPUA, Universidade do Amazonas e IMT/USP.

A pesquisa em microbiologia ambiental vem ganhando força ao longo dos últimos anos, com a emergência de grupos de trabalho relativamente novos com estudos na região amazônica (Universidade do Amazonas), Cerrado Central (Universidade de Goiás) e Mata Atlântica (Coleção de Culturas Tropical, CCT/Fundação André Tosello²⁰, Universidade Federal de Pernambuco, Universidade Federal do Rio de Janeiro e Universidade de São Paulo).

²⁰A equipe da Coleção de Culturas Tropical ligada à pesquisa em sistemática microbiana foi transferida em 2002 para a Divisão de Recursos Microbianos do CPQBA/UNICAMP (<http://www.cpqba.unicamp.br>).

Além destes, equipes especializadas em organismos de importância agrícola, ambiental, industrial e microbiologia de alimentos são encontradas em diversos centros da EMBRAPA, IBSBF/Instituto Biológico, CNEN/PC-SP, SEMIA/IPAGRO (Piracicaba, SP), DTPE/CETESB (SP), INCQS/FIOCRUZ, Instituto de Pesquisas Tecnológicas (IPT, SP) Instituto de Tecnologia de Alimentos (ITAL, SP), Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Universidade de Brasília (UnB) e Universidade de São Paulo (USP).

Contudo, a capacitação de pessoal e infra-estrutura de pesquisa para a realização de estudos envolvendo a caracterização da diversidade microbiana ainda são embrionários no país. Metodologias de microbiologia sistemática, principalmente a aplicação de taxonomia polifásica, sistemática molecular e métodos independentes-de-cultivo, necessários à realização de estudos de diversidade microbiana em comunidades complexas, demandam uma infra-estrutura e treinamento específicos, ainda limitada aos grandes centros nacionais de pesquisa.

A formação clássica em taxonomia determinativa e metodologias de análise fenotípica praticadas em microbiologia clínica e de alimentos não são adequadas para a detecção, isolamento e identificação de organismos na natureza. Estes podem apresentar maior diversidade fisiológica e fenotípica, condições ainda não definidas para seu cultivo em laboratório e uma diversidade taxonômica ampla, englobando organismos ainda não descritos na literatura.

A abordagem praticada em estudos de diversidade microbiana em nível internacional é baseada em uma combinação de métodos clássicos de isolamento e caracterização taxonômica, complementados por metodologias moleculares de análise direta da diversidade de microrganismos na amostra. Nesta abordagem, são consideradas a dificuldade de isolamento e cultivo de certos grupos de microrganismos e a possibilidade de se encontrar novos táxons ainda não descritos na literatura. A realização destes estudos requer profissionais com conhecimento amplo de sistemática microbiana, além do conhecimento prático de técnicas e metodologias de caracterização taxonômica e

identificação de microrganismos, e acesso a uma infra-estrutura laboratorial moderna e complexa.

As metodologias de caracterização direta de populações em amostras ambientais e de grupos funcionais de microrganismos são praticadas com grandes limitações em um número reduzido de centros de pesquisa no Brasil, restritas principalmente àqueles que mantêm um intercâmbio científico ativo com grupos de pesquisa no exterior. Dentre os grupos identificados neste levantamento podemos salientar os grupos de pesquisa liderados por Dra. Leda Hagler (UFRJ), Dra. Lucy Seldin (UFRJ), Dra. Vivian Pellizari (ICB/USP), Dr. Carlos Moreira A. Filho (ICB/USP) e Dr. Gilson P. Manfio (CPQBA/UNICAMP).

A formação de recursos humanos é recorrentemente apontada como uma das questões chave para o desenvolvimento da Microbiologia no país.

No Workshop "Biodiversity: Perspectives and Technological Opportunities" (1995), financiado pelo PADCT/Finep (<http://www.bdt.fat.org.br/publicacoes/padct/bio>), o tema "Diversidade Microbiana e Desenvolvimento Sustentável" teve uma figuração marginal frente aos demais temas discutidos, refletindo a falta de massa crítica da comunidade científica nesta área. Dentre as recomendações do grupo de trabalho, destacaram-se:

- a necessidade de interação com o programa do Comitê de Microbiologia (CNPq) com o objetivo de induzir a capacitação na área de Microbiologia;
- inclusão de Microbiologia como disciplina obrigatória no currículo mínimo dos cursos de graduação em Biologia (Freire & Gambale, 1996); e,
- propostas de cursos de Pós-graduação em nível de atualização ou aperfeiçoamento, com o objetivo de formar microbiologistas com formação em taxonomia e sistemática.

Coleções-de-referência de microrganismos têm sido apontadas como recursos importantes para o desenvolvimento de pesquisas em biodiversidade e sistemática (Hawksworth, 1996). As coleções podem atuar como centros de disseminação de conhecimento, congregando

especialistas em taxonomia e sistemática de grupos microbianos diversos, realizando treinamento específico, tal como metodologias de isolamento e cultivo, metodologias moleculares de tipagem e detecção de grupos específicos, e também como apoio de infra-estrutura, atuando na preservação de germoplasma microbiano e manutenção de coleções de microrganismos-referência para aplicações específicas. Com o desenvolvimento acelerado da Biotecnologia nos últimos anos, novos desafios vêm sendo apresentados aos profissionais atuantes nesta área (Canhos & Manfio, 2001), demandando das coleções-de-serviço uma evolução rápida no sentido de se adequar às novas demandas²¹, incluindo conhecimentos em genômica e metagenômica, sistemas de armazenamento em larga escala e informatização de acervos.

Um ponto crítico citado como limitante ao desenvolvimento da microbiologia ambiental no Brasil refere-se à falta de apoio às coleções-de-referência de microrganismos no país. Coleções científicas importantes, incluindo acervos de microalgas, protozoários, bactérias, fungos filamentosos, leveduras e linhagens celulares, são predominantemente localizadas na região Sudeste e Sul, em centros de pesquisa e universidades, sendo que regiões consideradas ricas em diversidade, como o Norte e Centro-Oeste do país, apresentam um número pequeno de coleções.

Quanto à abrangência dos acervos, segundo levantamento realizado entre 1982 e 1989 (Canhos *et al.*, 1989), dentre 36 coleções catalogadas, 7 apresentavam acervos de algas, 18 continham acervos de bactérias, 18 armazenavam fungos filamentosos e leveduras, 4 mantinham acervos de protozoários, 1 mantinha linhagens de vírus e 1 de culturas celulares animais.

Existe, contudo, uma grande lacuna de informação quanto ao estado de conservação, documentação e informatização dos acervos, capacitação de profissionais e, sobretudo, quanto ao perfil de utilização e desenvolvimento de pesquisas ligadas ao material do acervo. Atendendo a

²¹Vide resultados de um estudo específico sobre o tema, realizado pela Coordenação Geral de Biotecnologia do Ministério de Ciência e Tecnologia (MCT), *site*

esta necessidade específica, o Ministério de Ciência e Tecnologia lançou o "Sistema de Informação de Coleções de Interesse Biotecnológico", SICol, que tem por objetivo disseminar informações sobre os centros de recursos biológicos brasileiros e servir de elemento integrador às diversas coleções de interesse biotecnológico, econômico e de aplicações industriais no país. Através de um sistema de base de dados centralizado, buscas nos acervos de diversas coleções microbianas brasileiras podem ser realizadas com grande facilidade (<http://sicol.cria.org.br/>).

Para facilitar a apresentação e discussão, os resultados da pesquisa serão considerados nos contextos dos diferentes grupos de microrganismos, conforme descrito a seguir.

Diversidade de Archaea

Archaea, anteriormente denominadas de arqueobactérias (Staley & Holt, 1989), são microrganismos procarióticos evolutivamente distintos dos procariotos alocados no Domínio Bacteria. As Archaea são encontradas em uma grande diversidade de habitats, incluindo desde solos e habitats aquáticos (DeLong, 1992, 1998) até ambientes extremos, com elevada temperatura, salinidade (Figura 4) e pH (Barns *et al.*, 1994). Este grupo de microrganismos também se distingue pela organização do genoma, pelos mecanismos de expressão e regulação gênica, e pelas diversidades metabólica e fisiológica (Madigan *et al.*, 1997; <http://www.prenhall.com/~brock>).

O Domínio Archaea compreende três divisões filogenéticas: Crenarchaeota, incluindo as Archaea redutoras de enxofre hipertermófilas; Euryarchaeota, que engloba uma grande diversidade de organismos, incluindo as espécies metanogênicas e halófilas extremas; e Korarchaeota, uma divisão descrita recentemente, que engloba organismos hipertermófilos pouco conhecidos, ainda não cultivados em laboratório. Uma descrição dos diversos grupos de arqueas pode ser encontrada na revisão de Vazoller *et al.* (1999).

O conhecimento científico sobre Archaea vem crescendo rapidamente nos últimos anos, com a aplicação de metodologias moleculares adequadas ao estudo de organismos ainda não cultivados em laboratório e em habitats naturais. A amplificação e análise filogenética de genes ribossomais (DNAr ou RNAr 16S) é a ferramenta mais utilizada nestes estudos. São conhecidas 108 espécies de Archaea com descrição válida na literatura internacional (<http://www.dsmz.de/bactnom/bactname.htm>).

No Brasil, existem poucos relatos do isolamento e identificação espécies de Archaea, sendo estes principalmente relacionados a estudos em processos de tratamento de efluentes, produção de metano em reatores experimentais e campos alagados de arroz, e microrganismos halofílicos isolados de salinas (Figura 4).

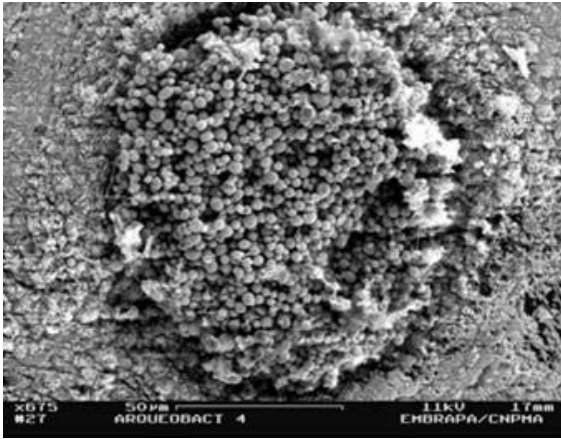


Figura 4. Arqueas halofílicas ao microscópio eletrônico de varredura. Isoladas de salinas abandonadas em Icapui (CE), são capazes de crescer em meio de cultura contendo 10% NaCl (Créditos: Francisco Eduardo de Carvalho Costa, Brigida Pimentel Vilar de Queiroz e Sávio Torres de Farias, CNPMA/EMBRAPA).

Grupos de Pesquisa em Diversidade de Archaea no Brasil

Apesar da grande utilização de sistemas de digestão anaeróbia para tratamento de efluentes e resíduos no Brasil, a realização de estudos relacionados à diversidade e sistemática de Archaea é ainda incipiente. Após um intenso levantamento, destacamos apenas as pesquisas do grupo do Departamento de Hidráulica e Saneamento da Escola de Engenharia de São Carlos da Universidade de São Paulo voltadas para caracterização taxonômica de Archaea em lodos (Vazoller 1989, 1995, 1997; Vazoller *et al.*, 1988; Badra, 1993) e trabalhos de pesquisa em ecologia molecular em andamento em colaboração com a equipe do CPQBA/UNICAMP e FIOCRUZ. Existe, ainda, uma iniciativa de projeto de pesquisa de arqueas metanogênicas em campos de plantio de arroz irrigado na região Sul do país (EMBRAPA).

A falta de massa crítica de pesquisadores atuantes neste grupo de microrganismos no país foi identificada como uma séria limitação ao desenvolvimento científico e à exploração dos potenciais tecnológico (metanogênese) e biotecnológico destes microrganismos no Brasil.

Diversidade de Bactérias

De modo geral, a descrição de comunidades microbianas requer o emprego de técnicas que não envolvam o cultivo em laboratório, uma vez que apenas uma pequena fração dos organismos na natureza (<1%) é cultivável através do uso de técnicas microbiológicas de rotina (Amann *et al.*, 1995).

Estudos baseados na análise direta da diversidade bacteriana em amostras ambientais através de métodos moleculares indicam que alguns grupos do Domínio Bacteria apresentam distribuição cosmopolita (Ludwig *et al.*, 1997), ao passo que outros parecem estar restritos a ambientes particulares (Schlegel & Jannasch, 1992).

Alguns dos grupos filogenéticos de distribuição cosmopolita são bem conhecidos a partir de estudos de isolamento e cultivo, tal como os actinomicetos (Actinobacteria), bacilos Gram-positivos, enterobactérias (Proteobacteria) e Cytophagales, ao passo que outros são ainda pouco conhecidos/estudados ou não foram ainda detectados através de cultivo (*e.g.*, Divisões *Acidobacterium*, bactérias verdes não-sulfurosas e *Verrucomicrobia*) e, conseqüentemente, pouco se sabe sobre a sua biologia (Hedlund *et al.*, 1997; Hugenholtz *et al.*, 1998a).

Nas últimas décadas, a taxonomia de bactérias sofreu grandes avanços frente às informações derivadas de novas metodologias analíticas (*e.g.*, quimiotaxonomia, composição de bases de DNA, hibridização DNA-DNA, ribotipagem, *etc.*), que possibilitaram a caracterização e diferenciação de organismos antes alocados em grupos heterogêneos através do uso integrado de características fenotípicas e genotípicas, denominado taxonomia polifásica.

A filogenia é atualmente uma ferramenta importante na classificação de bactérias. Segundo Hugenholtz *et al.* (1998a, b), o Domínio Bacteria compreende pelo menos 36 divisões (Figura 5). Este número inclui as 12 divisões compiladas no trabalho de Woese, em 1987, baseadas principalmente na análise de seqüências de rRNA 16S de organismos cultivados, 12 novas divisões descritas em uma única investigação

envolvendo a análise de seqüências de rDNA 16S isoladas diretamente do meio ambiente (Hugenholtz *et al.*, 1998a) e 12 linhas de descendência adicionais, descritas em estudos diversos (Maidak *et al.*, 1997). O termo "divisão" é definido como um grupo filogenético contendo duas ou mais seqüências de rDNA 16S, monofiléticas e não afiliadas com os outros grupos filogenéticos que integram o Domínio Bacteria (Hugenholtz *et al.*, 1998a,b).

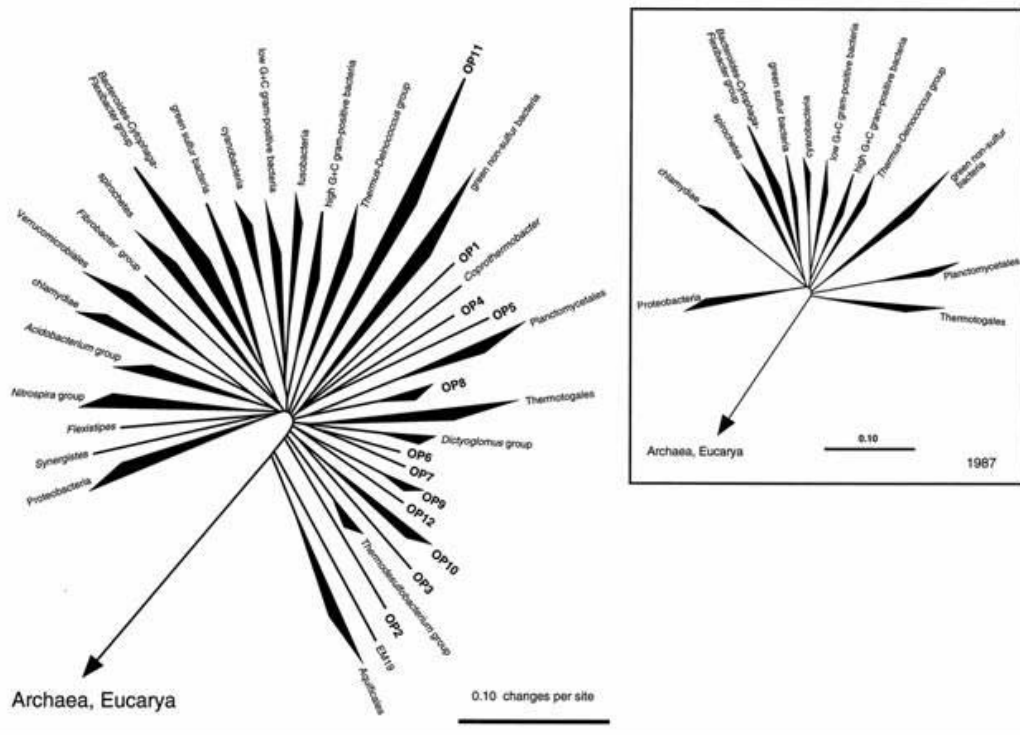


Figura 5. Representação radial dos grupos filogenéticos de Bacteria conhecidos em 1987 (Woese) em comparação com dados de estudos recentes (Hugenholtz *et al.*, 1998a). Os setores em cunha indicam a ocorrência de duas ou mais seqüências representativas naquele nível de radiação (Figura reproduzida com permissão da ASM).

Revisões taxonômicas e descrições de novos grupos das bactérias apresentaram um crescimento vertiginoso nos últimos anos. Alterações na nomenclatura e inclusão de novos nomes são controlados pelo "Código de Nomenclatura de Bactérias" (Lapage *et al.*, 1975) e divulgados através de "Validation Lists", publicadas trimestralmente no *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM, <http://www.socgenmicrobiol.org.uk/ijsemmain.htm>), onde são compilados novos nomes descritos em trabalhos científicos publicados em periódicos científicos diversos. A divulgação simultânea através de um veículo impresso e eletrônico *on-line* (<http://ijs.sgmjournals.org/>) de circulação internacional e nas bases de dados de nomenclatura disponíveis na Internet (vide <http://www.dsmz.de/bactnom/bactname.htm> e links para outras bases citadas naquele *site*) são fatores que permitem a atualização rápida de pesquisadores em diferentes áreas de pesquisa em bacteriologia.

Segundo dados da época de realização deste levantamento, bactérias e arqueas compreendem um total de 4.314 espécies com descrição taxonômica válida, distribuídas em 849 gêneros (<http://www.dsmz.de/bactnom/bactname.htm>). A classificação hierárquica dos táxons no Domínio Bacteria pode ser encontrada no *site* do NCBI Taxonomy Homepage (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/tax.html>). Uma descrição dos diversos grupos de bactérias pode ser encontrada na revisão de Canhos *et al.* (1999).

Estudos de diversidade de bactérias em ecossistemas brasileiros ainda são escassos e principalmente direcionados ao emprego de metodologias de isolamento e cultivo.

Grupos de pesquisa em diversidade de bactérias no Brasil

O número de grupos de pesquisa e pesquisadores atuantes em estudos de sistemática e diversidade de bactérias no Brasil é bastante restrito. Os grupos com registro de publicações nos últimos 5-10 anos estão localizados principalmente na região Sudeste do país.

Durante o levantamento, foram detectados diversos grupos com publicações recentes, sendo que alguns apresentaram linhas de pesquisa emergentes na área de ecologia molecular microbiana (Rosado *et al.*, 1997; Coutinho *et al.*, 1999). Contudo, os grupos taxonômicos estudados no país são bastante limitados. Muitas vezes os organismos são caracterizados taxonomicamente em nível de gênero ou apenas quanto a propriedades tecnológicas de interesse. Dentre os principais temas de pesquisa e publicações encontradas nas buscas bibliográficas podemos ressaltar as seguintes:

- diversidade e aplicação de bactérias em biorremediação ambiental de áreas poluídas (Pellizari *et al.*, 1996);
- bactérias degradadoras de resíduos de pesticidas (Esposito *et al.*, 1998);
- biodigestão de compostos recalcitrantes em efluentes industriais (Souza *et al.*, 1991; Vazoller, 1995, 1997);
- *screening* de microrganismos para produção e/ou biotransformação de compostos de diferentes classes químicas (Salva *et al.*, 1997; Cagnon *et al.*, 1998);
- estudo sistemático de bactérias fitopatogênicas de importância agrícola (Robbs, 1981; Jabuonsky *et al.*, 1986; Malavolta-Júnior, 1996; Beretta *et al.*, 1997; Machado *et al.*, 1997; Rosato *et al.*, 1998);
- diversidade de bactérias de origem ambiental, contaminantes de processos de produção industrial de sucos (Figura 6) e outros tipos de alimentos (Jobin *et al.*, 1997; Pinhati *et al.*, 1997; Alfenas, 1999);
- diversidade de bactérias fixadoras de nitrogênio endofíticas, simbiontes ou de vida livre (Rumjanek *et al.*, 1993; Neves & Rumjanek, 1997;

Rosado *et al.*, 1997, 1998; Seldin *et al.*, 1998; Coutinho *et al.*, 1999; Oliveira *et al.*, 1999; Reinhardt *et al.*, 1999);

- diversidade de bactérias patogênicas de importância veterinária (Lange *et al.*, 1999);
- diversidade de bactérias associadas a doenças humanas e riscos para saúde pública (Sanchez, 1986; Matté, 1993, 1995; Rivera *et al.*, 1995; Rivera & Martins, 1996; Higuti *et al.*, 1998; Tomasz *et al.*, 1998; Santos *et al.*, 1999).



Figura 6. Bactérias acidofílicas-termofílicas esporuladas do gênero *Alicyclobacillus* isoladas de sucos de laranja termoprocessados, capazes de crescer em pH 3,5 e temperatura ótima ao redor de 60°C (CBMAI 0114, coloração de Gram; Créditos: Patrícia Mariana Zachello, CPQBA/UNICAMP).

Diversidade de fungos filamentosos e leveduras

Os fungos constituem um grupo microbiano cosmopolita extremamente diverso, com uma ampla variedade de morfologias, metabolismos e habitats?. Levantamentos estimativos da década de 90 (Hawksworth, 1991 a ou b?) propuseram que apenas 5% da diversidade de fungos era conhecida, com aproximadamente 69.000 espécies descritas na literatura. Representam, assim, um dos grupos microbianos com o maior número de espécies na natureza, aproximando-se da casa dos 1,5 milhões de espécies estimadas (Hawksworth, 2001).

Estes organismos podem ser alocados, de acordo com aspectos morfológicos, reprodutivos e filogenéticos, em diferentes grupos taxonômicos: Ascomycota, Zigomycota/Trichomycota, Glomeromycota, Deuteromycota, Chytridiomycota e Stramenopila (Hyphochytridiomycota, Labyrinthulomycota e Oomycota). Uma ilustração das relações evolutivas entre os grupos é apresentada na Figura 7. A diversidade de espécies nestes grupos e a estimativa de espécies conhecidas no Brasil, baseado em diversos autores, são apresentadas na Tabela 5.

Devido à extensa literatura acumulada a partir de levantamentos realizados há mais de um século no país, os fungos podem ser considerados como um dos grupos de microrganismos comparativamente mais estudados no Brasil. Apesar do volume de informações disponível na literatura ser abrangente, este grupo de microrganismos apresenta uma grande diversidade de espécies e genética ainda a serem estudadas.

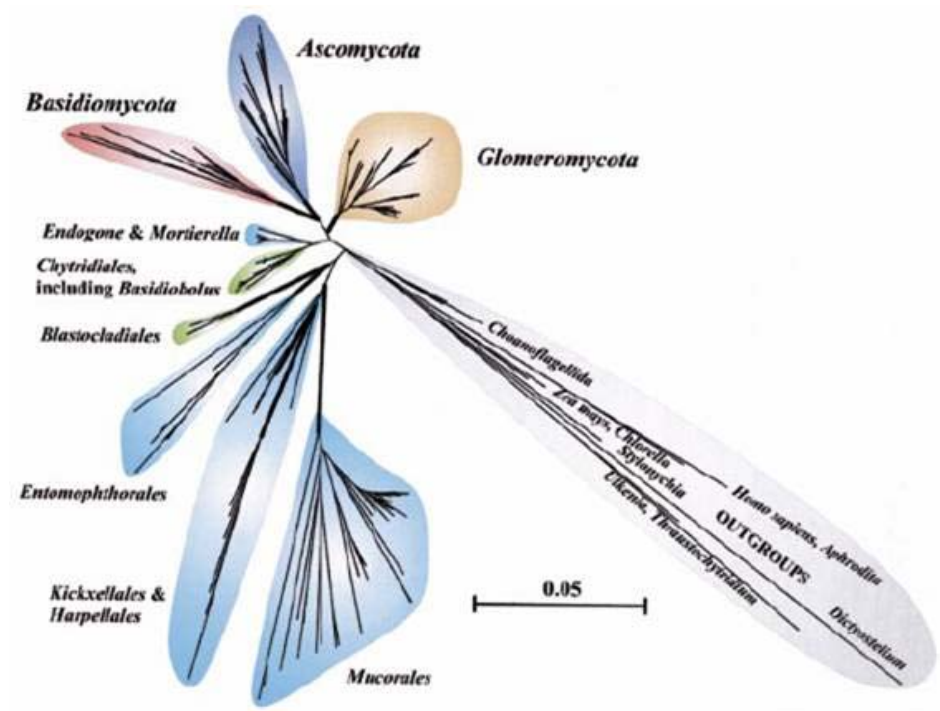


Figura 7. Filogenia de fungos baseado na análise de seqüências de rDNA 16S. Zygomycota e Chytridiomycota não formam grupos monofiléticos e são apresentados na árvore por táxons representativos dos grupos (Fonte: Schüßer *et al.*, 2001).

Tabela 5. Diversidade de espécies de fungos no Brasil e no mundo^a.

Grupo taxonômico	No. de espécies conhecidas no mundo	No. de espécies conhecidas no Brasil
Reino Fungi		
Filo Ascomycota		
Classe Ascomycetes (46 ordens)	32.000	N.d. ^b
Filo Zigomycota		
Classe Zygomycetes (7 ordens, 125 gêneros)	867	162
Classe Trichomycetes (4 ordens, 48 gêneros)	189	N.d.
Filo Deuteromycota		
Classes Hyphomycetes, Coelomycetes e Agonomycetes (2.600 gêneros)	15.000	N.d.
Filo Chytridiomycota	793	93
Reino Stramenopila		
Filo Hyphochytridiomycota	24	4
Filo Labyrinthulomycota	42	4
Filo Oomycota	694	133

^aBaseado em Grandi (1999), Milanez (1999a, b), Rodrigues-Heerklotz & Pfenning (1999), e Trufem (1999). ^bN.d. = não determinado. ^c Compreende as estimativas de espécies dos fungos micorrízicos arbusculares, recentemente reclassificados em um novo filo, Glomeromycota (Schüßer *et al.*, 2001).

Uma revisão extensa sobre a diversidade e ocorrência de fungos pode ser encontrada na compilação de Canhos e Vazoller (1999). Neste levantamento, é ressaltada a existência de uma extensa bibliografia sobre fungos brasileiros, resultante de pesquisas realizadas no final do século passado e nas décadas de 70 e 80, principalmente por cientistas estrangeiros, e estudos recentes na década de 90 por pesquisadores brasileiros, voltados para levantamentos de diversidade de espécies em diversas regiões brasileiras (vide revisões em Grandi, 1999; Trufem, 1999; Rodrigues-Heerklotz & Pfenning, 1999). Alguns estudos enfocam biomas únicos do Brasil, como o Cerrado (Dianese *et al.*, 1997), região Amazônica e região Nordeste (da Silva & Minter, 1995).

Estudos aplicados têm sido também direcionados para áreas de reflorestamento para extrativismo de madeira, enfocando interações entre

fungos micorrízicos e plantas (Giachini, 1995; Giachini & Oliveira, 1966), e para associações entre fungos e animais (Rosa *et al.*, 1999), sendo estas últimas ainda pouco estudadas em regiões tropicais.

Grupos de pesquisa em diversidade de fungos no Brasil

No levantamento realizado recebemos respostas de apenas um grupo de pesquisa atuante em Micologia, ficando assim os dados complementados por levantamentos realizado nas bases de dados.

No tocante a recursos humanos, o Brasil tem tradição de pesquisa e formação de micologistas em diversas universidades e institutos de pesquisa. Durante o levantamento, foram identificados alguns grupos de pesquisa, salientando-se:

- CNPMA/EMBRAPA, Dr. Itamar Soares de Mello: fungos entomopatogênicos, endofíticos e utilizados em controle biológico (Figura 8);
- Instituto Biológico de São Paulo, Laboratório de Micologia Fitopatológica (SP): caracterização e taxonomia de fungos fitopatogênicos e ferrugens (Figura 9);
- Instituto de Botânica (São Paulo, SP), Dr. Aduino Ivo Milanez e Dra. Rosely Ana Piccolo Grandi: taxonomia e diversidade de fungos aquáticos zoospóricos e não-zoospóricos em ambientes lóticos e lênticos, diversidade de fungos terrestres, micorrízicos e decompositores;
- Instituto de Medicina Tropical (IMT, São Paulo, SP): Dr. Carlos da Silva Lacaz e Dra. Natalina Takahashi de Melo: identificação de fungos patogênicos ao homem e outros animais;

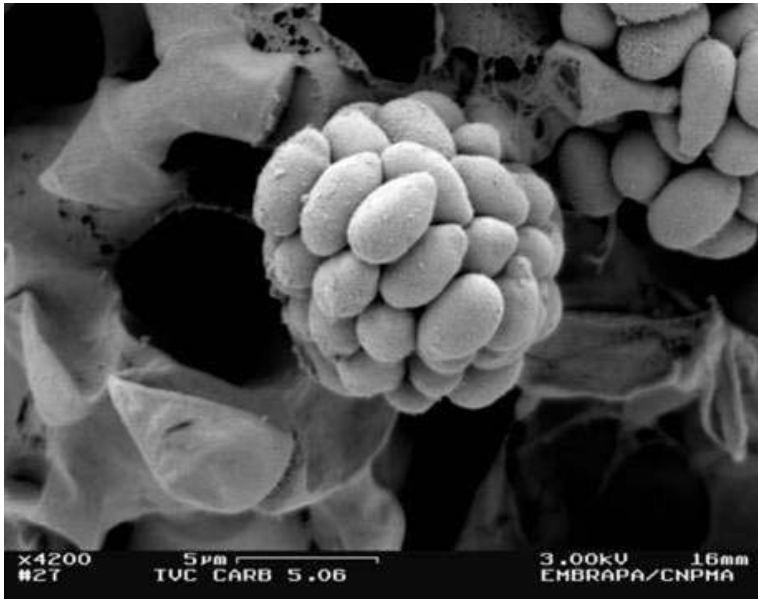


Figura 8. Esporos do fungo filamentosos *Trichoderma stromaticum* visualizado ao microscópio eletrônico de varredura (Créditos: Itamar Soares de Mello, CNPMA/EMBRAPA).



Figura 9. Ferrugem *Hemileia vastatrix* visualizada ao microscópio eletrônico de varredura (Créditos: Itamar Soares de Mello, CNPMA/EMBRAPA).

- Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ, Departamento de Micologia, Rio de Janeiro, RJ), Dra. Katia Ferreira Rodrigues: taxonomia de fungos filamentosos de regiões tropicais;
- Universidade Estadual Paulista (UNESP), Campus de Rio Claro (SP): Dra. Sâmia Maria Tauk-Tornisielo: diversidade de fungos filamentosos em solo e folheto de áreas de mata (Reserva Ecológica Juréia-Itatins); Dr. Fernando Carlos Pagnocca: taxonomia de leveduras associadas a formigas;
- Universidade do Amazonas (Manaus, AM), Dra. Maria Francisca Simas Teixeira: diversidade de fungos biodeteriogênicos;
- Universidade de Brasília (DF): Dr. José Carmine Dianese: diversidade de fungos do Cerrado;
- Universidade de Viçosa (MG), Dr. Arnaldo Chaer Borges e Dra. Maria Catarina Megumi Kasuya: fungos micorrízicos em espécies de *Pinus* e *Eucalyptus*;
- Universidade de São Paulo, ESALQ (Piracicaba, SP), Dr. Tasso Leo Krugne: fungos fitopatogênicos;
- Universidade Federal de Minas Gerais (Belo Horizonte, MG), Dr. Carlos Augusto Rosa: taxonomia de leveduras ascomicéticas;
- Universidade Federal de Pernambuco (Recife, PE), Dra. Leonor Costa Maia: diversidade de fungos de solo e folheto, micorrizas arbusculares (Gomales); Dra. Neiva Tinti de Oliveira: diversidade de fungos fitopatogênicos; Dra. Laise de Holanda Cavalcanti: diversidade de Myxomycetes;
- Universidade Federal do Rio de Janeiro (Rio de Janeiro, RJ): Dr. Allen Norton Hagler: taxonomia de leveduras ascomicéticas (Figura 10);
- Universidade Federal de Santa Catarina (Florianópolis, SC), Dra. Veturia Lopes de Oliveira: taxonomia de Holobasidiomycetes associados a espécies de *Pinus* e *Eucalyptus*.

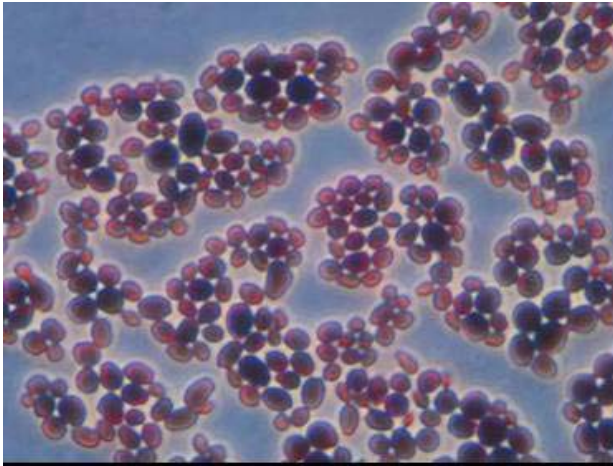


Figura 10. Aspecto morfológico de células da levedura *Saccharomyces cerevisiae* observadas microscópio óptico (CBMAI 0194; Créditos: Patrícia Mariana Zachello, CPQBA/UNICAMP).

Podem ser destacadas algumas coleções de referência de fungos no país, como a Coleção de Culturas do Instituto de Botânica (São Paulo, SP), Coleção de Culturas DPUA (Universidade do Amazonas), Coleção de Culturas de Fungos Ectomicorrízicos do Departamento de Microbiologia (Universidade Federal de Santa Catarina), Coleção do Departamento de Micologia da FIOCRUZ (Rio de Janeiro, RJ), Micoteca da Universidade Federal de Pernambuco e Micoteca do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo (IMT).

Infelizmente, a infra-estrutura e *know-how* taxonômico de coleções especializadas de microrganismos no país ainda não têm capacidade para absorver e identificar a diversidade de material derivado de estudos de biodiversidade de fungos no país. Assim, grande parte do material coletado e linhagens-referência associadas a descrições taxonômicas acaba sendo depositada em coleções de cultura e herbários no exterior.

Diversidade de Protozoa

Os protozoários (Protozoa) representam um grupo polifilético de organismos eucarióticos (Eucarya) com radiações filogeneticamente distintas (Maidak *et al.*, 1997). Estes organismos são agrupados em um mesmo grupo taxonômico através de critérios taxonômicos baseados primariamente em morfologia, porém apresentam considerável diversidade morfológica e fisiológica, sendo alguns grupos estudados como fungos (mixomicetos) e outros como protozoários *sensu stricto* (Sub-reino Protozoa).

Protozoários são comumente encontrados em ambientes aquáticos marinhos e de água doce, podendo também ocorrer em associações com animais e plantas. A diversidade de espécies destes organismos é apresentada na Tabela 6.

Tabela 6. Diversidade de espécies de Protozoa no Brasil e no mundo^a.

Grupo taxonômico	No. de espécies conhecidas no mundo	No. de espécies conhecidas no Brasil
Reino Protista		
Filo Acrasiomycota (4 gêneros)	12	N.d. ^b
Filo Dictyosteliomycota (4 gêneros)	46	N.d.
Filo Myxomycota ^c	720	175
Filo Plasmodiophoromycota (10 gêneros)	29	4
Sub-reino Protozoa		
Filos Actinopoda, Ciliophora, Eumycetozoa, Foraminifera, Kinetoplastida, Microsporidia, Myxozoa, Polymastigata, Rhizopoda, Sarcocystophora e Sporozoa	36.000	>69

^aBaseado em Milanez (1999c) e Godinho & Regali-Selegim (1999). ^bN.d. = não determinado. ^cOs mixomicetos são ainda comumente enquadrados como fungos.

Grupos de pesquisa em diversidade de protozoários no Brasil

Na pesquisa realizada, foram recuperados poucos dados de pesquisas/pesquisadores relacionados à diversidade de protozoários no Brasil. Uma compilação sobre a diversidade deste grupo de organismos, habitats, ocorrência relatadas no Brasil e grupos de pesquisas pode ser encontrado na seção "Síntese do Conhecimento sobre Biodiversidade em Água Doce no Brasil" (Rocha, 2000; neste trabalho) e na revisão de Godinho & Regali-Selegim (1999). Nestes levantamentos, é salientada a ausência de especialistas em diversos grupos (*e.g.*, Acrasiomycota, Dictyosteliomycota e Plasmodiophoromycota) e de coleções representativas no Brasil.

As principais coleções de culturas brasileiras para mixomicetos estão localizadas na Universidade Federal de Pernambuco (Recife, PE), UNESP, Campus de Botucatu (SP), e Universidade de Santa Cruz do Sul (RS). Em relação a protozoários, poucas espécies são mantidas na coleção de pesquisa do Laboratório de Ecologia de Microorganismos Aquáticos (LEMA, Departamento de Ecologia e Biologia Evolutiva, Universidade Federal de São Carlos).

Dentre os grupos de pesquisa em mixomicetos e protozoários levantados nas consultas realizadas, podem ser citados:

- Departamento de Botânica, Instituto de Biociências, UNESP, Campus de Botucatu (SP), Dra. Rita Sindônia Cássia: taxonomia de mixomicetos;
- Instituto Evandro Chagas (PA), Dr. Ralph Lainson: taxonomia de protozoários parasitas;
- Laboratório de Fitoplâncton e Microorganismos Marinhos, Fundação Universidade do Rio Grande (Rio Grande, RS), Dra. Clarisse Odebrecht: taxonomia e ecologia de protozoários aquáticos;
- LEMA (UFSCar), com estudos de protozoários água doce e diversas publicações na área em diferentes biomas brasileiros (Barbieri & Godinho-Orlandi, 1989; Hardoim & Heckman, 1996; Hardoim, 1997);

- Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ, Rio de Janeiro, RJ), Dr. Alexandre Ribeiro Bello; Dr. José Roberto Machado e Silva, e Dr. Octávio Fernandes da Silva Filho: taxonomia polifásica, filogenia e evolução de protozoários parasitas endêmicos e emergentes;
- Universidade Federal da Paraíba (UFPB, João Pessoa, PB), Dr. Roberto Sassi: sistemática de protozoários microzooplanctônicos marinhos;
- Universidade Federal do Mato Grosso, Dra. Edna Lopes Haroim: taxonomia de tecamebas;
- Universidade Federal do Paraná (CEM - Centro de Estudos do Mar, Pontal do Sul PR), Dr. Tarcisio Alves Cordeiro: taxonomia de protozoários planctônicos marinhos;
- Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ, Rio de Janeiro, RJ): taxonomia de protozoários bentônicos e planctônicos, protozoários comensais e simbioses em ambientes aquáticos marinhos e de água doce; Dr. Inácio da Silva Neto: taxonomia de ciliados marinhos.

Diversidade de Vírus

Os vírus representam um grupo diversos de parasitas celulares obrigatórios, comumente classificados como "microrganismos". A classificação destes organismos como seres vivos *sensu stricto* é controversa, uma vez que os vírus somente se reproduzem e desempenham funções biológicas nas células do hospedeiro e podem ocorrer na natureza como fragmentos de ácido nucléico associados a cápsulas protéicas, destituídos de organelas e sem capacidade replicativa, ou ainda como viróides e príons.

A taxonomia e classificação dos vírus é regida pelo International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV; <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ICTV/>). A definição de espécies é politética, baseada na análise de diversas propriedades, onde nenhuma delas é considerada essencial ou necessária para inclusão de um organismo no grupo. As principais características consideradas na classificação de vírus são: tipo de ácido nucléico (RNA ou DNA), número de fitas, número de

segmentos, tipo de replicação, sentido da fita (em vírus de RNA), forma da capa protéica e presença ou ausência de membrana envoltória (Murphy *et al.*, 1995; Rácz *et al.*, 1999).

Na época deste levantamento, eram descritas 71 famílias, 164 gêneros e mais de 3.600 espécies de vírus, listados no *Index Virum* (<http://life.anu.edu.au/viruses/indxvir2.htm>) e *Universal Virus Database* (ICTVdb; <http://life.anu.edu.au/viruses/ICTVdB/ictvdb.htm>). As principais características dos diferentes gêneros de vírus encontram-se descritas na Tabela 7.

Tabela 7. Principais características das famílias e gêneros sem classificação definida de vírus.^a

Família ou gênero	Morfologia	Envelope	Ácido nucléico	Configuração	Hospedeiro
Adenoviridae	Icosaédrica	-	dsDNA	1 linear	Vertebrados
African swine fever-like virus	Esférica	+	dsDNA	1 linear	Vertebrados
Arenaviridae	Esférica	+	ssRNA	2 - linear	Vertebrados
Arterivirus	Esférica	+	ssRNA	1 + linear	Vertebrados
Astroviridae	Icosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Vertebrados
Baculoviridae	Baciliforme	+	dsDNA	1 circular	Invertebrados
Badnavirus	Baciliforme	-	dsDNA	1 circular	Plantas
Barnaviridae	Baciliforme	-	ssRNA	1 + linear	Fungos
Birnaviridae	Icosaédrica	-	dsRNA	2 linear	Vertebrados e invertebrados
Bromoviridae	Icosaédrica	-	ssRNA	3 + linear	Plantas
Bunyaviridae	Esférica	+	ssRNA	3 - linear	Vertebrados, invertebrados e plantas
Caliciviridae	Icosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Vertebrados
Capillovirus	Bastonete	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Carlavirus	Bastonete	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Caulimovirus	Icosaédrica	-	dsDNA	1 circular	Plantas
Circoviridae	Icosaédrica	-	ssDNA	X circular	Vertebrados
Closterovirus	Bastonete	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Comoviridae	Icosaédrica	-	ssRNA	2 + linear	Plantas
Coronaviridae	Pleomórfica	+	ssRNA	1 + linear	Vertebrados
Corticoviridae	Icosaédrica	-	dsDNA	1 circular	Bactérias
Cystoviridae	Isométrica	+	dsRNA	3 linear	Bactérias
Dianthovirus	Icosaédrica	-	ssRNA	2 + linear	Plantas
Enamovirus	Icosaédrica	-	ssRNA	2 + linear	Plantas
Filoviridae	Baciliforme	+	ssRNA	1 - linear	Vertebrados
Flaviviridae	Esférica	+	ssRNA	1 + linear	Vertebrados e invertebrados
Furovirus	Bastonete	-	ssRNA	2 + linear	Plantas

Fuselloviridae	Formato de limão	+	dsDNA	1 circular	Bactérias
Geminiviridae	Isométrica	-	ssDNA	1, 2 circular	Plantas
Hepadnaviridae	Ícosaédrica	-	ssDNA	1 circular	Vertebrados
Herpesviridae	Ícosaédrica	+	dsDNA	1 linear	Vertebrados
Hordeivirus	Helical	-	ssRNA	3 + linear	Plantas
Hypoviridae	Pleomórfica	+	dsRNA	1 linear	Fungos
Idaeovirus	Ícosaédrica	-	ssRNA	2 + linear	Plantas
Inoviridae	Bastonete	-	ssDNA	1 circular	Bactérias e micoplasmas
Iridoviridae	Ícosaédrica	+	dsDNA	1 linear	Vertebrados e invertebrados
Leviviridae	Ícosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Bactérias
Lipothrixviridae	Bastonete	+	dsDNA	1 linear	Bactérias
Luteovirus	Ícosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Machlomovirus	Ícosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Marafivirus	Ícosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Microviridae	Ícosaédrica	-	dsDNA	1 circular	Bactérias
Myoviridae	Fago com cauda	-	dsDNA	1 linear	Bactérias
Necrovirus	Ícosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Nodaviridae	Ícosaédrica	-	ssRNA	2 + linear	Invertebrados
Orthomyxoviridae	Esférica	+	ssRNA	8 - linear	Vertebrados
Papovaviridae	Ícosaédrica	-	dsDNA	1 circular	Vertebrados
Paramyxoviridae	Helical	+	ssRNA	1 - linear	Vertebrados
Partitiviridae	Ícosaédrica	-	dsRNA	2 linear	Fungos e plantas
Parvoviridae	Ícosaédrica	-	ssDNA	1 - linear	Vertebrados e invertebrados
Phycodnaviridae	Ícosaédrica	-	dsDNA	1 + linear	Algas
Picornaviridae	Ícosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Vertebrados e invertebrados
Plasmaviridae	Pleomórfica	+	dsDNA	1 circular	Micoplasmas
Podoviridae	Fago com cauda	-	dsDNA	1 linear	Bactérias
Polydnaviridae	Bastonete fusiforme	+	dsDNA	X supercoiled	Invertebrados
Potexvirus	Bastonete	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Potyviriidae	Bastonete	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Poxviridae	Ovóide	+	dsDNA	1 linear	Vertebrados e invertebrados
Reoviridae	Ícosaédrica	-	dsRNA	10 - 12 linear	Vertebrados, invertebrados e plantas
Retroviridae	Esférica	+	ssRNA	dímero 1 + linear	Vertebrados
Rhabdoviridae	Baciliforme	+	ssRNA	1 - linear	Vertebrados, invertebrados e plantas
Rhizidiovirus	Ícosaédrica	-	dsDNA	1 linear	Fungos
Sequiviridae	Ícosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Siphoviridae	Fago com	-	dsDNA	1 linear	Bactérias

	cauda				
Sobemovirus	Icosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Tectiviridae	Icosaédrica	-	dsDNA	1 linear	Bactérias
Tenuivirus	Amorfa	N.d.	ssRNA	4-5 +/- linear	Plantas
Tetraviridae	Icosaédrica	-	ssRNA	1, 2 + linear	Invertebrados
Tobamovirus	Bastonete	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Tobravirus	Bastonete	-	ssRNA	2 + linear	Plantas
Togaviridae	Esférica	+	ssRNA	1 + linear	Vertebrados e invertebrados
Tombusviridae	Icosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Totiviridae	Icosaédrica	-	dsRNA	1 + linear	Fungos e protozoários
Trichovirus	Helical	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Tymovirus	Icosaédrica	-	ssRNA	1 + linear	Plantas
Umbravirus	N.d.	N.d.	ssRNA	1 + linear	Plantas

^aBaseado em Murphy *et al.* (1995).

Grupos de pesquisa em diversidade de vírus no Brasil

Apesar de existirem no país diversos grupos de pesquisa atuantes em virologia clínica, vírus entomopatogênicos e fitopatologia, na pesquisa realizada foram recuperados poucos dados relacionados a pesquisas direcionadas para caracterização da diversidade viral, taxonomia e filogenia.

As publicações científicas recuperadas das buscas nas bases de dados apontam para um número reduzido de grupos de pesquisa com estudos na área de filogenia e diversidade de vírus no Brasil, entre eles:

- Instituto Oswaldo Cruz/FIOCRUZ, Departamento de Virologia (Rio de Janeiro, RJ): taxonomia e filogenia de vírus;
- Universidade de Brasília, Departamento de Fitopatologia (DF), Dr. Elliot Watanabe Kitajima e Dr. Renato de Oliveira Resende: taxonomia de vírus de plantas;
- Universidade de São Paulo (USP/SP), Dra. Dolores Ursula Mehnert: diversidade de vírus entéricos animais;
- Universidade de São Paulo (USP/SP), Dr. Paolo Marinho de Andrade Zanotto: taxonomia e filogenia de vírus.

Após a finalização da pesquisa de dados, foi montada, em 2002, com apoio da FAPESP, a Rede de Diversidade Genética de Vírus (*Viral*

Genetic Diversity Network – VGDN; <http://watson.fapesp.br/virus/menu.htm>), objetivando a integração de diversos grupos de pesquisadores no estado de São Paulo em projetos de caracterização da diversidade de vírus patogênicos de importância no país, incluindo HIV-1, HCV, RSV e hantavirus. Esta rede congrega laboratórios de seqüenciamento, análise filogenética e epidemiologia, constituindo uma iniciativa expressiva de pesquisa nesta área.

Considerações Finais e Conclusões

Através da análise de dados do levantamento realizado e da avaliação das publicações indexadas em bases de dados pode se perceber que, com poucas exceções, a grande maioria dos estudos de caracterização da diversidade microbiana no país apresenta as seguintes características em comum:

- a. realização de caracterização taxonômica primária do material de estudo, algumas vezes com enquadramento taxonômico em nível de gênero apenas;
- b. limitações na aplicação de metodologias de caracterização em nível de espécie para diversos grupos de microrganismos, devido à inexistência de especialistas no país;
- c. estudos de caracterização infra-específica, com aplicação de metodologias de caracterização de diversidade genética dos organismos, são limitados a apenas alguns poucos trabalhos em ecologia molecular microbiana.

Uma preocupação constante nos diversos grupos de pesquisa analisados foi definida como a necessidade de "treinamento/aprimoramento em taxonomia e sistemática" nos grupos de microrganismos em estudo. Contudo, cabe ressaltar que a aplicação de metodologias clássicas de caracterização taxonômica apresenta grandes limitações para o estudo da maioria dos táxons de microrganismos de ocorrência ambiental.

A caracterização taxonômica convencional (morfológica e bioquímica) é de aplicação limitada aos grupos de microrganismos passíveis de isolamento e cultivo em condições de laboratório, não sendo adequada para estudo rotineiro de organismos fastidiosos ou ainda não cultivados. Esta abordagem apresenta limitações para o estudo de microrganismos isolados de amostras ambientais, devido à variabilidade fenotípica comumente verificada nos organismos oriundos de ambientes naturais, sujeitos à pressão de agentes seletivos e grande amplitudes de parâmetros que podem afetar o seu crescimento e sobrevivência.

O treinamento de pessoal e a implantação de infra-estrutura para realização de metodologias moleculares de caracterização taxonômica e aplicação de métodos de ecologia molecular em estudos de diversidade microbiana a curto e médio prazo são altamente desejáveis e necessárias para o aprimoramento do conhecimento da diversidade microbiana no país. A aplicação de métodos moleculares traria um impacto significativo no nível de resolução taxonômica, na qualidade científica da pesquisa e na produtividade dos grupos de pesquisa, tornando-os competitivos em nível internacional, além de possibilitar a solução de problemas taxonômicos relacionados a caracterização e definição de novos táxons em diversos grupos de microrganismos.

Divulgação, treinamento e implantação de métodos de ecologia molecular microbiana e análise filogenética são necessários para a maioria dos grupos de pesquisa analisados. Seqüenciamento e análise filogenética de rDNA 16S e outros semantídeos representam metodologias relativamente rápidas e adequadas para alocação de organismos ainda não descritos na literatura em grupos taxonômicos em nível de família e/ou gênero, permitindo a seleção de organismos-referência para comparações e descrições taxonômicas. Esta metodologia é facilmente aplicável na caracterização de arqueas, bactérias, fungos filamentosos, leveduras e protozoários.

A estruturação e difusão de programas induzidos de treinamento e pesquisa em taxonomia e sistemática microbianas é fundamental para o desenvolvimento desta área no país. A exploração tecnológica dos

recursos microbianos é uma alternativa ainda muito pouco explorada no Brasil, porém altamente interessante de ser explorada em um programa de desenvolvimento científico e tecnológico de médio e longo prazo.

Ainda, durante a realização do estudo, percebemos a necessidade de atualização dos descritores das áreas de atuação profissional nas bases de conhecimento consultadas. O vocabulário de palavras-chave utilizado necessita ser modernizado e adequado às linhas de pesquisa atuais em Microbiologia, pois são, atualmente, muito limitados. Podemos citar, como exemplos, as áreas de sistemática e taxonomia, e mesmo microbiologia ambiental, que não constam como campos no sub-grupo de Microbiologia. A atualização e introdução de novos descritores tornariam viáveis a realização de buscas estruturadas e representativas de profissionais atuantes em diversas áreas de microbiologia sistemática e biodiversidade microbiana, com grande eficiência e rapidez.

Agradecimentos. A Thomas Michael Lewinsohn, pela oportunidade oferecida e constante motivação na realização deste trabalho. A Manuela da Silva e Lyriam Lobo Rosa Marques, pela ajuda na organização e tabulação dos dados amostrados. A Charles Henrique de Araújo e Geraldo Sorte, do CNPq/MCT, pelo auxílio na realização das buscas no Sistema Lattes em 2003. Aos pesquisadores e colegas que forneceram imagens para ilustração do texto e auxiliaram na discussão dos resultados.

Glossário

Acidofílico: organismo que prefere condições ambientais na faixa de pH ácido para seu desenvolvimento. Compreende uma ampla diversidade de bactérias, fungos e leveduras capazes de colonizar ambientes com acidez elevada (frutas, resíduos industriais e ambientes naturais).

Ácido nucléico: polímero de nucleotídeos que contém a informação genética nas células. Compreende os ácidos desoxirribonucleico (DNA) e ribonucleico (RNA). O DNA é organizado em cadeias de fita dupla, no cromossomo dos seres vivos (exceto alguns tipos de vírus, vide definição neste glossário) e porções específicas da informação (genes) são transcritas em cópias de RNA fita simples para fabricação de proteínas (RNA mensageiro, mRNA) ou moléculas de RNA estrutural (rRNA) ou transportador (tRNA).

Ácido ribonucleico ribossomal, RNAr ou rRNA: conjunto de moléculas de RNA transcritas a partir dos genes codificadores de RNA ribossomal nas células, organizados nos operons de rDNA. Estes RNAs apresentam sequência relativamente conservada, devido à sua função estrutural no ribossomo. O tamanho destas moléculas pode variar em diferentes seres vivos. Em bactérias, são transcritos rRNA 5S, rRNA 16S e rRNA 23S, em ordem crescente de tamanho.

Aeróbio: organismo que requer oxigênio para seu metabolismo e crescimento.

Archaea, ref. Domínio Archaea: grupo de microrganismos procarióticos com características morfológicas, bioquímicas, fisiologia e genética que os distinguem das bactérias. Representam uma radiação evolutiva diferente de bactérias e eucariotos, definida com base em seqüências de rRNA 16S. As arqueas não possuem mureína na parede celular e contém tipos específicos de lipídeos na membrana celular (ligações éter). Organismos deste grupo apresentam fisiologia diversa e alguns são capazes de habitar ambientes extremos de temperatura, salinidade e pH..

Arqueas ou arqueobactérias, vide Archaea

Atividade de água: teor de água livre em um produto ou substrato (**a_w**). A água pode ocorrer como "água ligada" e "água livre" em um substrato qualquer. No primeiro caso, apresentam-se intimamente ligada às moléculas constituintes do produto e não disponível para qualquer tipo de reação ou utilização pelo metabolismo de microorganismos. Microrganismos adaptados a crescimento em elevada concentração de sais (halofílicos) ou açúcares (osmofílicos) podem crescer em substratos com baixa atividade de água (**a_w** entre 0,65 e 0,75).

Bacteria, ref. Domínio Bacteria: grupo de organismos procarióticos, evolutivamente distinto das arqueas e eucariotos. Apresentam grande diversidade metabólica e genética, sendo encontradas em ambientes diversos no planeta e em associação com animais e plantas.

Bactérias, vide Bacteria

Benton ou bentos: organismos associados a, ou vivendo no fundo ou próximo ao fundo do mar, leitos de rios e de lagos.

Biodegradação: processo de degradação de substâncias complexas, compostos orgânicos, polímeros, entre outros, por ação de agentes biológicos. Microrganismos desempenham um papel importante na biodegradação de uma grande variedade de compostos na natureza.

Biodegradação: alteração no aspecto estético ou propriedades estruturais e funcionais de objetos, materiais ou produtos por ação de atividade biológica, geralmente microbiana.

Biodegradação: aplicação de microrganismos em processos de biodegradação de resíduos em sistemas abertos (*e.g.*, lagoas de efluentes), reatores de tratamento ou filtros biológicos.

Biogeografia: estudo da distribuição geográfica de organismos, seus habitats e fatores biológicos e históricos determinantes de sua distribuição.

Bioma: região biogeográfica definida, caracterizada por comunidades de espécies de plantas e animais específicos da formação.

Bioprospecção: estudo de seleção e triagem de organismos vivos (plantas, animais e microrganismos) para prospecção e identificação de produtos metabólicos específicos ou organismos com propriedades de interesse para aplicações biotecnológicas (*e.g.*, produção de fármacos, enzimas, insumos diversos) ou em processos diversos (*e.g.*, aplicações ambientais, agrícolas, biodegradação de compostos tóxicos, biorremediação de áreas contaminadas, *etc.*).

Biorremediação: utilização de agentes biológicos, geralmente microrganismos e plantas, em processos de descontaminação ou destoxificação de áreas contaminadas com poluentes (metais, petróleo, pesticidas, *etc.*).

Biotecnologia: exploração de propriedades específicas de organismos vivos (animais, plantas e microrganismos) em processos industriais diversos, incluindo desde a produção de insumos e metabólitos até a utilização dos organismos como "bioreatores" em processos específicos. Pode envolver processos de seleção e triagem da diversidade genética natural existente no ambiente para identificação de organismos com as características de interesse ou o emprego de metodologias de seleção ou engenharia genética e transgenia (transferência de genes de um organismo para outro) para obtenção destes.

Biotransformação: aplicação de microrganismos (células íntegras) ou enzimas isoladas em reações de transformação química específica de moléculas, formando novos produtos.

Cianofíceas ou cianobactérias: grupo de bactérias fotossintéticas, alocadas no Domínio Bacteria, que também são estudadas pela Botânica, sendo, nesta última, classificadas como algas verdes-azuis. Devido à falta de entendimento entre as respectivas comissões de taxonomia de Botânica e Microbiologia, existem dois esquemas independentes de classificação e nomenclatura destes organismos, descritos no *Botanical Code* e no *Bacteriological Code*.

Ciclos biogeoquímicos: ciclos de transformação e transferência de elementos químicos, como, por exemplo, a água, carbono e nitrogênio, entre outros, entre os componentes bióticos (organismos vivos) e abióticos (atmosfera, rochas, solos e corpos d'água) da biosfera.

Classificação: processo de organização e alocação de indivíduos (unidades taxonômicas) em um sistema estruturado, onde os grupos são definidos para acomodar organismos com características semelhantes, permitindo a diferenciação entre os grupos e alocação de novos grupos de acordo com o conjunto de propriedades destes. Diferentes esquemas de classificação podem ser montados, de acordo com a finalidade e aplicação desejada. Esquemas de classificação "naturais" envolvem a caracterização extensiva dos organismos e os grupos são montados com base em conjuntos amplos de propriedades (politéticos), enquanto que classificações artificiais, destinadas a aplicações específicas são, geralmente, monotéticas, baseadas em caracteres únicos e específicos (e.g., grupos de microrganismos patogênicos de importância para saúde pública, como *Clostridium botulinum*, que envolve diversas espécies de clostrídios produtores da toxina botulínica)

Classificação filogenética: processo de classificação de organismos baseado em características que refletem aspectos evolutivos dos organismos. Em microbiologia, estes esquemas são baseados na análise filogenética de seqüência de genes conservados amplamente distribuídos em bactérias, arqueas, fungos e protozoários, como os genes ribossomais (rRNA 16S e 23S), proteínas e enzimas de importância vital no metabolismo celular (genes de *housekeeping*), como a DNA e RNA polimerase, ATPases e chaperoninas, entre outras.

Códigos de nomenclatura biológica: conjuntos de regras e normas que governam a prática da nomenclatura de seres vivos. De maneira geral, microrganismos recebem nomes compostos, em Latim ou latinizados, incluindo o nome do gênero e nome da espécie, segundo normas específicas do código de nomenclatura do grupo microbiano em questão. A nomenclatura de bactérias, por exemplo, é regida pelo *Bacteriological Code*, introduzido em 1947, e suas revisões (e.g., *International Code of Nomenclature of Bacteria*, 1990 Revision).

Coleções biológicas: coleções organizadas de organismos, vivos ou preservados, com representantes de grupos taxonômicos definidos. Em Microbiologia, as coleções mantêm os organismos preservados de forma viável, visando sua utilização e cultivo em laboratório, sendo denominadas "coleções de culturas".

Comensal ou comensalismo: tipo de interação entre organismos em que um dos organismos se beneficia da associação, sem efeitos negativos sobre o segundo.

Composição de bases do DNA: conteúdo de moléculas de guanina e citosina no DNA de um dado organismo, sendo esta característica uma propriedade estável da célula, utilizada na definição de espécies em Microbiologia. Devido à característica de complementaridade de bases na fita dupla do DNA, onde adeninas (A) pareiam timinas (T) e citosinas (C) com guaninas (G), as proporções de G + C e A + T são equivalentes. DNA com elevado conteúdo de G+C apresenta maior estabilidade térmica, devido às ligações triplas de pontes

de hidrogênio entre estas bases. Microrganismos termofílicos tendem a apresentar elevado conteúdo de G+C no DNA.

Controle biológico: utilização de microrganismos (ou outros organismos, como insetos e ácaros) como agentes de controle de organismos considerados como pragas, incluindo plantas, insetos, ácaros, ou mesmo outros microrganismos. O controle se dá pela produção de toxinas ou enzimas pelo agente de controle biológico, com atividade específica contra o organismo-alvo, ou por algum outro aspecto biológico, como predação direta ou parasitismo do organismo-alvo.

Cultivo asséptico: cultivo de microrganismos sob condições de assepsia do ambiente e esterilidade do material e meios de cultivo utilizados, permitindo o cultivo de linhagens puras do microrganismos, sem contaminação.

Diversidade de espécies: diversidade biológica em termos do número de táxons (espécies) em uma dada comunidade de organismos.

Diversidade genética: diversidade de genes existente nos organismos de uma dada espécie ou em comunidades de organismos em um ambiente. Considera-se que organismos de uma mesma espécie em ambientes diferentes podem apresentar diversidade genética variada, que reflete fatores de seleção do ambiente e taxas de mutação e intercâmbio de genes nas diferentes populações.

DNAr ou rDNA: *vide ácido nucléico ribossomal.*

Domínios: *vide Archaea, Bacteria e Eucarya.* Nível hierárquico de classificação biológica proposta por Carl Woese e colaboradores (1990) para definir os grandes grupos evolutivos definidos com base em análises de seqüências de rRNA 16S: Archaea, Bacteria e Eucarya.

Ecologia molecular: realização de estudos de ecologia de organismos utilizando informações derivadas da aplicação de métodos moleculares de caracterização. Em Microbiologia, o termo é aplicado à realização de estudos de caracterização da diversidade taxonômica, avaliação da densidade de populações e da diversidade genética e funcional de organismos utilizando métodos moleculares.

Ecossistema: definido como a comunidade de organismos e o ambiente físico no qual ocorrem em um processo de interação dinâmico, representando uma unidade ecológica definida.

Endêmico: grupo de organismos de uma dada espécie com distribuição restrita a uma região geográfica.

Endofítico: em Microbiologia, microrganismos que habitam o interior dos tecidos de plantas sem causar sintomas de doença.

Entomopatógeno: em Microbiologia, microrganismos patogênicos para insetos.

Epidemiologia: estudo de caracterização dos agentes etiológicos (causadores da doença) e fatores associados à transmissão e disseminação da doença em uma comunidade ou população.

Esporo ou endosporo: estrutura de dormência de bactérias e fungos que apresenta grande resistência a fatores ambientais adversos, como dissecação, ambientes ácidos/alcalinos, agentes desinfectantes, pressão e temperatura. O DNA do organismo encontra-se compactado no esporo e, sob condições ambientais favoráveis, o esporo pode germinar e regenerar o microrganismo. Em fungos que apresentam ciclo sexual, os esporos podem desempenhar o papel de estruturas reprodutivas.

Eucarioto: célula que apresenta o material genético (cromossomos) confinado no núcleo, uma estrutura celular específica delimitada pela membrana nuclear. Em Microbiologia, os fungos filamentosos, leveduras e protozoários são exemplos de organismos eucariotos.

Eucarya, ref. Domínio Eucarya: grupo filogenético que compreende os organismos eucariotos, incluindo os protozoários, fungos, plantas e animais.

Ferrugem: grupo de fungos basidiomicéticos da Ordem Uredinales que causam pústulas e manchas características em tecidos de plantas, geralmente de cor amarelada, lembrando um mancha de "ferrugem".

Filogenia: história evolutiva de um grupo de organismos ou linhagem, podendo incluir a descrição da seqüência temporal de mudanças morfológicas, ecológicas, biogeográficas e genéticas de um táxon.

Fitopatógeno: microrganismo capaz de causar doenças em plantas.

Fotossíntese oxigênica: reação bioquímica mediada por diferentes tipos de pigmentos fotossintéticos e proteínas que gera oxigênio como um dos produtos finais da reação. Ocorre em grupos diversos de organismos fotossintéticos, incluindo microalgas (cianobactérias) e organelas especializadas, os cloroplastos, em algas e plantas superiores.

Fungos: grupo de organismos eucariotos microscópicos, unicelulares ou filamentosos, com morfologia e fisiologia diversificada, que não realizam fotossíntese, apresentam quitina e betaglicano na parede celular e metabolismo assimilativo. Fungos podem se reproduzir sexual ou assexuadamente e, em alguns casos específicos, como nos fungos basidiomicéticos, pode ocorrer a formação de corpos de frutificação macroscópicos (cogumelos e orelhas-de-pau).

Genes conservados: genes que apresentam seqüência de bases relativamente pouco modificada em diferentes organismos, sugerindo que suas seqüências específicas foram mantidas ao longo do processo evolutivo. Exemplos destes são os genes ribossomais (e.g., rRNA 16S, rRNA 23S e proteínas ribossomais), proteínas e enzimas de importância vital no metabolismo celular (genes de *housekeeping*), como a DNA e RNA polimerase, associadas à replicação do DNA e transcrição de genes, respectivamente, ATPases (metabolismo energético da célula) e chaperoninas (processos de de enovelamento e reciclagem de proteínas), entre outras.

Genômica: estudo de caracterização de genomas inteiros de organismos, envolvendo a determinação da seqüência de bases de todo o conteúdo de DNA dos cromossomos do organismo e a definição/anotação dos genes encontrados, com base em análises de semelhança com genes já descritos para outros

organismos. A genômica funcional envolve um passo adiante, onde a expressão e função dos genes em situações determinadas é estudada.

Grupo filogenético: grupo de organismos definido com base em dados filogenéticos.

Grupos funcionais: grupos de microrganismos que realizam um dado processo bioquímico específico (*e.g.*, metanogênese) ou cuja atividade resulta em um processo ecológico específico no ambiente (fixação de nitrogênio, degradação de celulose, nitrificação e desnitrificação, *etc.*).

Halofílico: organismo com metabolismo adaptado para crescimento em concentração elevada de sais, podendo, ou não, requerer componentes específicos do meio como substrato para seu metabolismo.

Hibridização DNA-DNA: ensaio utilizado para determinar a similaridade entre os genomas de dois organismos baseado na quantificação do grau de hibridização entre os DNAs genômicos (DNA total) destes sob condições controladas de temperatura e salinidade (estruturais da condição de hibridização). Em Bacteriologia, a homologia DNA-DNA é utilizada como um dos critérios para a definição de espécies: bactérias que partilham homologia de DNA maior que 70% podem ser consideradas como de uma mesma espécie genômica.

Hipertermofílico: organismo que se desenvolve em ambientes extremos de alta temperatura (em alguns casos, > 100 °C).

Hot-spot de diversidade biológica: regiões biogeográficas definidas onde a diversidade de espécies por área de território apresenta valores entre os mais altos do planeta. Exemplos de *hot-spots* de biodiversidade são a floresta amazônica e mata atlântica.

Identificação: processo de caracterização das propriedades de um dado organismo isolado do ambiente ou amostra e alocação deste em um grupo taxonômico já conhecido com bases nas propriedades determinadas, visando a determinação do seu nome (gênero e espécie).

Infra-específica ou intra-específica, ref. a classificação infra-específica ou diversidade infra-específica: referente à diversidade de propriedades ou diversidade genética encontrada entre linhagens de organismos de uma mesma espécie; categoria de classificação abaixo do nível hierárquico de espécie.

Lêntico: associado a habitats de águas de movimentação lenta ou paradas, como lagoas e poças d'água.

Lótico: associado a habitats de águas correntes ou com movimentação rápida, como rios e riachos.

Metagenômica: estudo de todos os genomas associados à uma dada amostra ambiental, realizado através da extração do DNA total dos organismos da amostras (DNA de comunidade) e utilização de metodologias de biologia molecular envolvendo a clonagem de fragmentos de tamanho grande.

Metanogênese: processo de geração de energia presente em alguns grupos de arqueas que resulta na produção final do gás metano (CH₄), a partir da utilização de H₂ como fonte de energia e CO₂ como fonte de carbono para crescimento das células.

Métodos independentes-de-cultivo: conjunto de métodos diversos utilizados para a detecção específica e caracterização da diversidade de microrganismos presentes em amostras que não requerem o isolamento dos organismos em cultivo para realização das análises. Compreende um grupo variado de metodologias moleculares, divididas, basicamente, em dois grupos: a) métodos de detecção direta de grupos microbianos específicos, incluindo a utilização de sondas moleculares em ensaios de hibridização com células isoladas e detecção por fluorescência (FISH) ou hibridização com DNA ou RNA ribossomal isolado das células em formatos diversos (*blots, microarrays*), ou, ainda, por amplificação de fragmentos de DNA de organismos-alvo por PCR (PCR grupo-específico); e b) métodos de caracterização da diversidade geral ou de grupos definidos, utilizando DNA ou RNA extraído da amostra, através de metodologias de *fingerprinting* (t-RFLP, DGGE), construção de bibliotecas genômicas, sequenciamento e análise filogenética.

Métodos moleculares: conjunto de metodologias analíticas direcionadas para a detecção e/ou caracterização de ácidos nucleicos (DNA, RNA) ou de produtos de expressão gênica dos organismos, tal como mRNA, proteínas e peptídeos. Inclui geração de padrões de bandas de DNA e proteínas (*fingerprinting*) por restrição com enzimas sítio-específicas, amplificação de bandas por PCR e hibridização com sondas, utilizando métodos analíticos eletroforéticos e cromatográficos, sequenciamento de ácidos nucleicos e proteínas, análise filogenética e análises de bioinformática para a detecção de padrões ou motivos funcionais ou estruturais em moléculas.

Micorriza, ref. fungos micorrízicos: associação simbiótica, não-patogênica, entre fungos e raízes de plantas. Interações deste tipo são encontradas na maioria das plantas vasculares e podem beneficiar a planta na medida em que os fungos translocam micro-elementos e componentes do solo para o interior da planta, como nitrogênio e fósforo.

Microbiologia ambiental: ramo da microbiologia direcionada ao estudo da diversidade de microrganismos em amostras ambientais e funções que estes desempenham no hábitat natural.

Microbiologia clínica e veterinária: ramo da microbiologia direcionada ao estudo de microrganismos de importância médica, associados a doenças e infecções em humanos e animais.

Microbiologia de alimentos: ramo da microbiologia direcionado ao estudo de microrganismos em alimentos, envolvidos tanto em processos de produção de alimentos (*e.g.*, fermentação de laticíneos e bebidas, panificação) ou compostos de importância alimentar (aromas, enzimas industriais), como na deterioração de produtos, e de grupos de microrganismos de importância médica/veterinária veiculados por alimentos.

Microbiologia industrial: ramo da microbiologia voltado para o estudo de microrganismos de importância para aplicação em processos industriais,

envolvendo a produção direta de insumos por microrganismos (compostos químicos, antibióticos, compostos de aplicação farmacêutica, enzimas e surfactantes, entre outros) ou sua aplicação em processos biotecnológicos industriais como reatores biológicos (produção de bio-álcool, biotransformação direcionada de compostos químicos).

Microzooplâncton: componentes microscópicos do zooplâncton, incluindo os protozoários.

Monofilético: ref. a grupo taxonômico monofilético: grupo derivado de uma única linha evolutiva; categoria baseada na evolução a partir de um ancestral comum.

Organismo não-cultivado: microrganismo que ainda não foi cultivado em condições de laboratório.

Organismo unicelular: organismos constituídos por uma única célula.

Plâncton: conjunto diverso de organismos que ocorrem nas seções superficiais de corpos d'água, compreendendo o fitoplâncton (algas e bactérias fotossintéticas) e o zooplâncton (protozoários e pequenos animais).

Polifilético, ref. a grupo taxonômico polifilético: grupo derivado de duas ou mais linhas evolutivas distintas; categoria baseada em convergência de caracteres ao contrário de evolução a partir de um ancestral comum.

Politética, ref. classificação politética: grupo derivado da análise combinada de um conjunto amplo de caracteres, onde nenhuma característica em particular é suficiente para a definição do grupo.

Prion: proteína com capacidade de infectar um organismo e modificar, por interação catalítica, proteínas "sadias" do hospedeiro, formando novos prions.

Procarioto: célula que apresenta o material genético (cromossomo) no citoplasma, em contraste com os organismos eucariotos, onde o cromossomo encontra-se no núcleo. Em Microbiologia, as bactérias e arqueas são exemplos de organismos procariotos.

Protozoários: grupo polifilético de organismos eucariotos unicelulares, com grande diversidade morfológica e fisiológica.

Quimiotaxonomia: aplicação de metodologias de caracterização química de componentes celulares para obtenção de dados taxonômicos para classificação de organismos. Envolve, em microbiologia, a caracterização de componentes específicos de parede e membranas celulares, como açúcares de parede celular, ácidos graxos celulares, lipídeos polares, conteúdo de G+C (guanina e citosina) do DNA, polissacarídeos extracelulares e aplicação de metodologias de *fingerprinting* químico (e.g., pirólise-espectrometria de massas, caracterização de metabólitos celulares totais por HPLC).

Revisão taxonômica: processo de reavaliação de um esquema de classificação de um grupo de organismos, podendo compreender uma dada espécie, um grupo de espécie, ou mesmo grupos maiores, como gêneros e famílias.

RNAr ou rRNA: vide ácido ribonucléico ribossomal.

Semantídeo: molécula com conteúdo de informação, como os ácidos nucleicos (DNA e RNA) e proteínas.

Simbionte: tipo de interação entre organismos onde ambos os componentes se beneficiam do processo, comparado à sua ocorrência em separado.

Sistemática: usado por muitos autores como sinônimo de taxonomia. Refere-se, mais especificamente, aos sistemas de classificação e sua aplicação na organização dos seres vivos em esquemas taxonômicos.

Sistemática molecular: conjunto de metodologias de caracterização molecular que podem gerar dados para taxonomia e sistemática.

Taxonomia: estudo teórico e aplicação prática de sistemas de classificação, incluindo suas bases, princípios, procedimentos e regras.

Taxonomia polifásica: uso integrado de dados derivados de estudos de caracterização morfológica, quimiotaxonômica e molecular de organismos em esquemas de classificação politéticos.

Táxon (pl. táxons ou taxa): grupo taxonômico definido, de um dado nível hierárquico e sub-grupos associados; uma espécie ou um gênero são táxons.

Termofílico: organismos adaptado a crescer em ambientes com temperatura elevada.

Validation Lists ou Approved Lists of Bacterial Names: lista oficial de nomes de bactérias impressa periodicamente no *International Journal of Systematics and Evolutionary Microbiology* (IJSEM), sob auspícios do International Committee on the Systematics of Prokaryotes (ICSP).

Viróide: fragmento pequeno de RNA sem capa protéica, capaz de infectar tecidos e atuar como um vírus.

Xerófilo: organismo adaptado a crescer em baixa concentração de água livre (baixa atividade de água), geralmente encontrados em ambientes salinos e de baixa osmolaridade (elevada concentração de açúcares).

Zoosporo: esporo móvel de bactérias e fungos, propulsionado por ação de um ou mais flagelos.

Referências Bibliográficas

- ALFENAS, R.D. (1999). Thermoresistence of acid producing psychrotrophic bacteria isolated from milk. *Archivos Latinoamericanos de Nutricion* 49(1): 72-75.
- AMANN, R.I.; Ludwig, W. & Schleifer, K.H. (1995). Phylogenetic identification and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiological Reviews* 59: 143-169.
- ATLAS, R.M. & Bartha, R. (1998). *Microbial ecology: fundamentals and applications*. 4 ed. Benjamin Cumins, Redwood (CA, USA).
- BADRA, R. J. (1993). Isolamento e caracterização de bactérias metanogênicas de um aterro experimental. Dissertação de Mestrado. São Carlos: Escola de Engenharia de São Carlos/USP.
- BALKWILL, D.L.; Reeves, R.H.; Drake, G.R.; Reeves, J.Y.; Crocker, F.H.; King, M.B. & Boone, D.R. (1997). Phylogenetic characterization of bacteria in the subsurface microbial culture collection. *FEMS Microbiological Reviews* 20: 201-216.
- BARBIERI, S.M. & Godinho-Orlandi, M.J.L. (1989). Planktonic protozoa in a tropical reservoir: temporal variations in abundance and composition. *Revue d'Hydrologie Tropicale* 22(4): 275-285.
- BARNS, S.M.; Fundyga, R.E.; Jeffries, M.W. & Pace, N.R. (1994). Remarkable archaeal diversity detected in a Yellowstone National Park hot spring environment. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 91:1609-1613.
- BÉJÀ, O.; Koonin, E.V.; Aravind, L.; Taylor, L.T.; Seitz, H.; Stein, J.L; Bensen, D.C.; Feldman, R.A.; Swanson, R.V. & DeLong, E.F. (2002). Comparative genomic analysis of archaeal genotypic variants in a single population and in two different oceanic provinces. *Applied and Environmental Microbiology* 68(1): 335-345.
- BERRETA, M.J.G.; Barthe, G.A.; Ceccardi, T.L.; Lee, R.F. & Derrick, K.S. (1997). A survey for strains of *Xylella fastidiosa* in Citrus affected by citrus variegated chlorosis and Citrus blight in Brazil. *Plant Disease* 81: 1196-1198.
- Bornema, J. & Triplett, E. W. 1997. Molecular microbial diversity in soils from eastern Amazonia: evidence for unusual microorganisms and microbial population shifts associated with deforestation. *Applied and Environmental Microbiology* 63: 2647-2653.
- Bull, A.T.; Goodfellow, M. & Slater, J.H. (1992). Biodiversity as a source of innovation in biotechnology. *Annual Review of Microbiology* 46: 219-252.
- Bull, A.T.; Ward, A.C. & Goodfellow, M. (2000). Search and discovery strategies for biotechnology: the paradigm shift. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 64(3): 573-606.
- Cagnon, J.R.; Porto, A.L.M.; Manfio, G.P.; Eguchi, S.Y. & Marsaioli, A.J. (1999). First evaluation of the Brazilian microorganisms biocatalytic potential. *Chemosphere* 38(10): 2237-2242.
- Canhos, V.P. & Manfio, G.P. (2001). Recursos Microbiológicos para Biotecnologia. URL: http://www.mct.gov.br/Temas/biotec/Tendencias%20Vanderlei%20Fina_.pdf.

- Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Ed). (1999). *Microorganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1. Editora da FAPESP, São Paulo.
- Canhos, V.P.; Manfio, G.P.; Vazoller, R.F. & Pelizzari, V.H. (1999). Domínio Bacteria. *In*: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Ed). *Microorganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo.
- Canhos, V.P.; Souza, S. & Canhos, D.A.L. (eds.). (1989). Catálogo nacional de linhagens, vol. I – Bactérias. Campinas: Fundação Tropical de Pesquisas e Tecnologia "André Tosello".
- Chandler, D.P.; Brockman, F.J.; Bailey, T.J. & Fredrickson, J.K. (1998). Phylogenetic diversity of archaea and bacteria in a deep subsurface paleosol. *Microbial Ecology* 36: 37–50.
- Coutinho, H.L.C.; Oliveira, V.M.; Lovato, A.; Maia, A.H.N. & Manfio, G.P. (1999). Evaluation of the diversity of rhizobia in Brazilian agricultural soils cultivated with soybeans. *Applied Soil Ecology* 13(2): 159-167.
- da Silva, M. & Minter, D.W. (1995). Fungi from Brazil recorded by Batista and co-workers. *Mycological Papers* 169: 1-585.
- DeLong, E.F. (1992). Archaea in coastal marine environments. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 89: 5685–5689.
- DeLong, E.F. (1998). Everything in moderation: archaea as 'non-extremophiles'. *Current Opinion in Genetics and Development* 8: 649–654.
- Dianese, J.C.; Medeiros, R.B. & Santos, L.T.P. (1997). Biodiversity of microfungi found on native plants of the Brazilian Cerrado. *Diversity of tropical microfungi*. University of Hong Kong Press. p. 367-409.
- Esposito, E.; Paulillo, S.M. & Manfio, G.P. (1998). Biodegradation of the herbicide diuron in soil by indigenous actinomycetes. *Chemosphere* 37: 541-548.
- Freire, J.R.J. & Gambale, W. (1996). Teaching of microbiology in Brazil: progress or stagnation? *World Journal of Microbiology and Biotechnology* 12(4): 307-310.
- Ghiorse, W.C. & Wilson, J.T. (1988). Microbial ecology of the terrestrial subsurface. *Advances in Applied Microbiology* 33: 107–172.
- Giachini, A.J. (1995). Levantamento de fungos ectomicorrízicos de plantações de *Pinus* e *Eucalyptus* em Santa Catarina. Monografia de conclusão do Curso de Agronomia, UFSC. Florianópolis, 69 pp.
- Giachini, A.J.G. & Oliveira, V.L. (1996). Ectomycorrhizal fungi in *Eucalyptus* and *Pinus* plantations in Santa Catarina (Southern Brazil). *In*: Abstracts of the First International Conference on Mycorrhizas. Berkeley (USA). p. 52.
- Godinho, M.J.L. & Regali-Seleghim, M.H. (1999). Diversidade no Reino Protista: protozoários de vida livre. *In*: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Eds). *Microorganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo. p. 85-91.
- Grandi, R.A.P. (1999). Diversidade no Reino Fungi: Deuteromycota. *In*: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Eds). *Microorganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do

- Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo. p. 45-50.
- Hardoim, E.L. & Heckman C.W. (1996). The seasonal succession of biotic communities in wetlands of the tropical wet-and-dry climatic zone .4. The free-living sarcodines and ciliates of the Pantanal of Mato Grosso, Brazil. *International Rvue der Gesamten Hydrobiologie* 81(3): 367-384.
- Hardoim, E.L. (1997). Taxonomia e ecologia de testacea (Protozoa: Rhizopoda) do pantanal de Poconé – rio Bento Gomes e vazante Birici, Mato Grosso, Brasil. Tese de Doutorado, PPG-ERN-UFSscar. 343 pp.
- Hawksworth, D.L. (ed.) (1991a). The biodiversity of microorganisms and invertebrates: its role in sustainable agriculture. C.A.B. International, Wallingford.
- Hawksworth, D.L. (1991b) The fungal dimension of biodiversity: magnitude, significance, and conservation. *Mycological Research* 95: 641-55.
- Hawksworth, D.L. (1996) Microbial collections as a tool in biodiversity and biosystematic research. *In: Samson, R.A.; Stalpers, J.A.; van der Mei, D. et al.* (eds.), *Culture Collections to Improve the Quality of Life*. Centraalbureau voor Schimmelcultures, Baarn (The Netherlands). p. 26-35.
- Hawksworth, D.L. (2001). The magnitude of fungal diversity: the 1±5 million species estimate revisited. *Mycological Research* 105(12): 1422-1432.
- Hedlund, B.P.; Gosink, J.J. & Staley, J.T. (1997). *Verrucomicrobia* div. nov., a new division of the Bacteria containing three new species of *Prostheco bacter*. *Antonie van Leeuwenhoek International Journal of Microbiology* 72: 29-38.
- Higuti, I.H.; Macena, I.R.; Masunari, S.; Branco, M.D.; Blaskowski, M.M.M. & do Nascimento, A.J. (1998). Occurrence of coliforms in water samples of the Pereque and Penedo rivers in Parana, Brazil. *Brazilian Archives of Biology and Technology* 41(4): 417-421.
- Hill, L.R. (ed.). (1978). *Cowan, S.T. A dictionary of microbial taxonomy*. Cambridge University Press, Cambridge (UK).
- Hugenholtz, P.; Goebel, B.M. & Pace, N.R. (1998a). Impact of culture-independent studies on the emerging phylogenetic view of bacterial diversity. *Journal of Bacteriology* 180: 4765-4774.
- Hugenholtz, P.; Pitulle, K.L. & Pace, N.R. (1998b). Novel division level bacterial diversity in a Yellowstone hot spring. *Journal of Bacteriology* 180: 366-376.
- Jabuonsky, R.E.; Takatsu, A. & Retfschneider, F.J.B. (1986). Levantamento e identificação de espécies de *Erwinia* de diferentes plantas hospedeiras e regiões do Brasil. *Fitopatologia Brasileira* 11: 185-195.
- Jobin, C.C.; Reis, R.A.; Rodrigues, L.R.D. & SchockenIturrino, R.P. (1997). Microorganisms in the high-moisture corn grain silage with different proportions of the cob. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 32(2): 201-204.
- Kato, C.; Li, L.; Tamaoka, J. & Horikoshi, K. (1997). Molecular analyses of the sediment of the 11000-m deep Mariana Trench. *Extremophiles* 1: 117-123.
- Koch, R. (1883). The new methods for studying the microcosm of soil, air and water. *Deutsches Arzblatt* 137: 244-250.

- Kuske, C.R.; Barns, S.M. & Busch, J.D. (1997). Diverse uncultivated bacterial groups from soils of the arid southwestern United States that are present in many geographic regions. *Applied and Environmental Microbiology* 63: 3614-362.
- Lange, C.; Cardoso M.; Senczek, D. & Schwarz, S. (1999). Molecular subtyping of *Staphylococcus aureus* isolates from cases of bovine mastitis in Brazil. *Veterinary Microbiology* 67(2): 127-141.
- Lapage, S.P.; Sneath, P.H.A.; Lessel, E.F.; Skerman, V.B.D.; Seeliger, H.P.R. & Clark, W.A. (1975). International code of nomenclature of bacteria. Revision 1975. Washington, D.C.: American Society for Microbiology.
- Lewinsohn, T.M & Prado, P.I. (2003). Biodiversidade brasileira: síntese do estado atual do conhecimento. Contexto, São Paulo.
- Lincoln, R.; Boxshall, G. & Clark, P. (1998). A dictionary of ecology, evolution and systematics. 2 ed., Cambridge University Press, Cambridge (UK).
- Lovelock, J.M. (1988). The ages of Gaia. Oxford University Press, Oxford.
- Ludwig, W.; Bauer, S.H.; Bauer, M.; Held, I.; Kirchhof, G.; Schulze, R.; Huber, I.; Spring, S.; Hartmann, A. & Schleifer, K.-H. 1997. Detection and *in situ* identification of representatives of a widely distributed new bacterial phylum. *FEMS Microbiology Letters* 153: 181-190.
- Machado, M.A.; Targon, M.L.P.N.; Beretta, M.J.G.; Laranjeira, F.F. & Carvalho, A.S. (1997). Detecção de *Xylella fastidiosa* em espécies e variedades de citros sobre-enxertadas em laranja Pera com clorose variegada dos citros (CVC). *Fitopatologia Brasileira* 22: 30-33.
- Madigan, M.T.; Martinko, J.M. & Parker, J. (1997). Brock biology of microorganisms. 8 Ed. Cap 15, 16 e 17. New Jersey: Prentice-Hall. p. 606-768.
- Madigan, M.T.; Martinko, J.M. & Parker, J. (1999). *Brook Biology of Microorganisms*. 8 ed., Prentice Hall, Upper Saddle River (USA).
- Maidak, B.L.; Olsen, G.J.; Larsen, N.; Overbeek, R.; McCaughey, M.J. & Woese, C.R. (1997). The RDP (Ribosomal Database Project). *Nucleic Acids Research* 25: 109-110.
- Malavolta-Júnior, V.A. (1996). Contribuição ao conhecimento de bactérias do gênero *Xanthomonas* patogênicas a cereais de inverno. Tese de Doutorado. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (USP).
- Matté, G.R. (1993). Isolamento de víbrios potencialmente patogênicos em moluscos bivalves. Tese de Doutorado. São Paulo: Universidade de São Paulo (USP).
- Matté, M.H. (1995). Pesquisa de *Aeromonas* spp. potencialmente patogênicas em alguns pontos da Represa de Guarapiranga destinados à recreação e captação para abastecimento público. Dissertação de Mestrado. São Paulo: Universidade de São Paulo (USP).
- Milanez, A. I. (1999a). Diversidade no Reino Chytridiomycota. *In*: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Eds). *Microorganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo. p.51-55.
- Milanez, A. I. (1999b). Diversidade no Reino Stramenopila. *In*: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Eds). *Microorganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do Estado de

São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo. p.57-68.

Milanez, A. I. (1999c). Diversidade no Reino Protista. *In*: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Eds). *Microrganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo. p.69-81.

Murphy, F.A.; Fauquet, C.M.; Bishop, D.H.L.; Ghabrial, S.A.; Jarvis, A.W.; Martelli, G.P.; Mayo, M.A. & Summers, M.D. (1995). *Virus Taxonomy: The Sixth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*. Springer-Verlag, Wien.

Neves, M.C.P. & Rumjanek, N.G. (1997). Diversity and adaptability of soybean and cowpea rhizobia in tropical soils. *Soil Biology and Biochemistry* 29(5-6): 889-895.

Nisbet, L.J. & Fox, F.M. (1991). The importance of microbial biodiversity to biotechnology. *In*: Hawksworth, D.L. (Ed.). *The biodiversity of microorganisms and invertebrates: its role in sustainable agriculture*. C.A.B. International, Wallingford (UK). p. 229-244.

Oliveira, V.M.; Coutinho, H.L.C.; Sobral, B.W.S.; Guimarães, C.T.; van Elsas, J.D. & Manfio, G.P. (1999). Discrimination of *Rhizobium tropici* and *R. leguminosarum* strains by PCR-specific amplification of 16S-23S rDNA spacer region fragments and denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE). *Letters in Applied Microbiology* 28(2): 137-141.

Orphan, V.J.; Taylor, L.T.; Hafenbradl, D. & DeLong, E.F. (2000). Culture-dependent and culture-independent characterization of microbial assemblages associated with high-temperature petroleum reservoirs. *Applied and Environmental Microbiology* 66(2): 700-711.

Pace, N.R. (1997). A molecular view of microbial diversity and the biosphere. *Science* 276: 734-740.

Pace, N.R.; Stahl, D.A.; Lane, D.J. & Olsen, G. J. (1985). Analyzing natural microbial populations by rRNA sequences. *ASM News* 51: 4-12.

Palleroni, N.J. (1996). Microbial diversity and the importance of culturing. *In* Samson, R.A.; Stalpers, J.A.; van der Mei, D. *et al.* (eds.). *Culture Collections to Improve the Quality of Life*. Centraalbureau voor Schimmelcultures, Baarn (The Netherlands). p. 111-114.

Pedersen, K.; Arlinger, J.; Ekendahl, S. & Hallbeck, L. (1996). 16S rRNA gene diversity of attached and unattached bacteria in boreholes along the access tunnel to the Aspö hard rock laboratory, Sweden. *FEMS Microbiology Ecology* 19: 249-262.

Pellizari, V.H.; Bezborodnikov, S.; Quensen, J.F. 3rd & Tiedje, J.M. (1996). Evaluation of strains isolated by growth on naphthalene and biphenyl for hybridization of genes to dioxygenase probes and polychlorinated biphenyl-degrading ability. *Applied and Environmental Microbiology*, 62: 2053-2058.

Pinhati, M.E.M.C.; Variane, S.; Eguchi, S.Y. & Manfio, G.P. (1997). Detection of acidothermophilic bacilli in industrialized fruit juices. *Fruit Processing* 7: 350-353.

Rácz, M.L.; Pinto, A.A. & Kitajima, E.W. (1999). Vírus de seres humanos, animais, plantas e insetos. *In*: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Eds.), *Microrganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil:

- síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo.
- Ravenschlag, K.; Sahm, K.; Pernthaler, J. & Amann, R. (1999). High bacterial diversity in permanently cold marine sediments. *Applied and Environmental Microbiology* 65(9): 3982-3989.
- Reinhardt, E.L.; Manfio, G.P.; Pavan, C. & Moreira-Filho, C.A. (1999). Molecular characterization of plant associated nitrogen-fixing bacteria. Abstracts of the 12th International Congress on Nitrogen Fixation (12-17, September, Foz do Iguaçu, PR, Brasil).
- Rivera, I.G. & Martins, M.T. (1996). Bactérias enteropatogênicas no ambiente aquático. *Revista de Ciências Farmacêuticas* 17: 115-136.
- Rivera, I.G.; Chowdhury, M.A.R.; Sanchez, P.S.; Dato, M.I.; Huq, A.; Colwell, R.R. & Martins, M.T. (1995). Detection of cholera (ctx) and *zonula occludens* (zot) toxin genes in *Vibrio cholerae* O1, O139 and non-O1 strains. *World Journal of Microbiology and Biotechnology* 11: 572-577.
- Robbs, C.F. (1981). Taxonomia e bioecologia e principais representantes do gênero *Erwinia* no Brasil. *Fitopatologia Brasileira* 6: 304-309.
- Rodrigues-Heerklotz, K.F. & Pfenning, L. (1999). Diversidade no Reino Fungi: Ascomycota. In: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Eds). *Microrganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo. p. 27-31.
- Rosa, C.A.; Viana, E.M.; Martins, R.P.; Antonini, Y. & Lachance, M.A. (1999). *Candida batistae*, a new yeast species associated with solitary digger nesting bees in Brazil. *Mycologia* 91(3): 428-433.
- Rosado, A.S.; Duarte G.F.; Seldin, L. & van Elsas, J.D. (1998). Genetic diversity of *nif* genes sequences in *Paenibacillus azotofixans* strains and soil samples analysed by denaturing gradient gel electrophoresis of PCR-amplified gene fragments. *Applied and Environmental Microbiology* 64: 2770-2779.
- Rosado, A.S.; Duarte, G.F.; Seldin, L. & van Elsas, J.D. (1997). Molecular microbial ecology: a minireview. *Revista de Microbiologia* 28(3): 135-147.
- Rosato, Y.B.; Neto, J.R.; Miranda, V.S.; Carlos, E.F. & Manfio, G.P. (1998). Diversity of a *Xylella fastidiosa* population isolated from *Citrus sinensis* affected by *Citrus* variegated chlorosis in Brazil. *Systematic and Applied Microbiology* 21: 593-598.
- Rumjanek, N.G.; Dobert, R.C.; Vanberkum, P. & Triplett, E.W. (1993). Common soybean inoculant strains in Brazil are members of *Bradyrhizobium elkanii*. *Applied and Environmental Microbiology* 59(12): 4371-4373.
- Salva, T.D.G.; de Lima, V.B. & Pagan, A.P. (1997). Screening of alkalophilic bacteria for cyclodextrin glycosyltransferase production. *Revista de Microbiologia* 28(3): 157-164.
- Sanchez, P. (1986). Evaluation of the sanitary quality of marine recreational waters and sands from beaches of the São Paulo State, Brazil. *Water Science and Technology* 18: 61-72.
- Santos, K.R.N.; Teixeira, L.M.; Leal, G.S.; Fonseca, L.S. & Gontijo, P.P. (1999). DNA typing of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: isolates and factors associated with nosocomial acquisition in two Brazilian university hospitals. *Journal of Medical Microbiology* 48(1): 17-23.

- Schlegel, H.G. & Jannasch, H.W. (1992). Prokaryotes and their habitats. *In*: Ballows, A., Truper, H. G.; Dworkin, M.; Harder, W. & Schleifer, K.-H. (eds.). The prokaryotes. Vol. I. New York: Springer Verlag. p. 75-125.
- Schopf, J.W. (1978). The evolution of the earliest cells. *Scientific American* 239(3): 110-138.
- Schüßer, A.; Schwarzott, D. & Walker, C. (2001). A new fungal phylum, the *Glomeromycota*: phylogeny and evolution. *Mycological Research* 105(12): 1413-1421.
- Seldin, L.; Rosado, A.S.; William da Cruz, D.; Nobrega, A.; van Elsas, J.D. & Paiva, E. (1998). Comparison of *Paenibacillus azotofixans* strains isolated from rhizoplane, rhizosphere, and non-root-associated soil from maize planted in two different Brazilian soils. *Applied and Environmental Microbiology* 64: 3860-3868.
- Souza, M.E.; Fuzaro, G. & Polegato, A.R. (1991). Thermophilic anaerobic digestion of vinasse in pilot plant UASB reactor. *Proceedings of Sixth International Symposium on Anaerobic Digestion, São Paulo, Brazil.* p. 191-200.
- Staley, J.T. & Gosink, J.J. (1999). Poles apart: biodiversity and biogeography of sea ice bacteria. *Annual Review of Microbiology* 53: 189-215.
- Staley, J.T. & Holt, J.G. (eds.) (1989). *Bergey's manual of systematic bacteriology. Volume 3: Archaeobacteria, Cyanobacteria, and the remaining Gram-negatives.* Baltimore: Williams & Wilkins, Co.
- Stolz, J.F.; Botkin, D.B. & Dastoor, M.N. (1989). The integral biosphere. *In* Rambler, M.B.; Margulis, L. & Fester, R. (eds). *Global Ecology.* Academic Press, San Diego. p. 31-49.
- Stork, N.E. (1988). Insect diversity: facts, fiction and speculation. *Biological Journal of the Linnean Society* 35: 321-337.
- Tomasz, A.; Corso, A.; Severina, E.P.; Echaniz-Aviles, G.; Brandileone, M.C.D.; Camou, T.; Castaneda, E.; Figueroa, O.; Rossi, A.; & Di Fabio, J.L. (1998). Molecular epidemiologic characterization of penicillin-resistant *Streptococcus pneumoniae* invasive pediatric isolates recovered in six Latin-American countries: An overview. *Microbial Drug Resistance-Mechanisms Epidemiology and Disease* 4(3): 195-207.
- Trufem, S.F.B. (1999). Diversidade no Reino Fungi: Zigomycota. *In*: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Eds). *Microrganismos e Vírus. (Série: Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX.* Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo. p. 35-42.
- Trüper, H.G. (1992). Prokaryotes: an overview with respect to biodiversity and environmental importance. *Biodiversity and Conservation* 1: 227-36.
- Vazoller, R.F. (1989). Estudos sobre isolamento, caracterização e crescimento de culturas puras de bactérias metanogênicas provenientes de biodigestores de lodo de esgoto. *Disertação de Mestrado.* São Paulo: Instituto de Ciências Biomédicas/USP.
- Vazoller, R.F. (1995). Avaliação do ecossistema microbiano de um biodigestor anaeróbico de fluxo ascendente e manta de lodo, operado com vinhaça sob condições termofílicas. *Tese de Doutorado.* São Carlos: Escola de Engenharia de São Carlos/USP.
- Vazoller, R.F. (1997). Microbial aspects of thermophilic anaerobic biodigestion of vinasse. *Proceedings of ISME 7 - Progress in Microbial Ecology.* Santos. p. 527-532.

Vazoller, R.F.; Manfio, G.P. & Canhos, V.P. (1999). Domínio Archaea. *In*: Canhos, V.P. & Vazoller, R.F. (Ed). *Microorganismos e Vírus*. (Série: Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX. Joly, C.A. & Bicudo, C.E.M. (Orgs). Vol. 1). Editora da FAPESP, São Paulo.

Vazoller, R.F.; Rech, C.M.; Figueiredo, M.G. & Giaj-Levra, L.A. (1988). Bacterial identification of granular sludge from domestic sewage UASB-reactor. *Proceedings of the 5th International Symposium on Anaerobic Digestion*, Bologna, Itália. p. 61-64.

Ward, D.M.; Weller, R. & Bateson, M.M. (1990). 16S rRNA sequences reveal numerous uncultured microorganisms in a natural community. *Nature* 345: 63-65.

Wilson, E.O. (1988). The current state of biological diversity. *In*: Wilson, E.O. & Peter, F.M. (Eds.). *Biodiversity*. National Academic Press, Washington, D.C. p. 3-18.

Woese, C. R. 1987. Bacterial evolution. *Microbiological Reviews* 51: 221-271.

Woese, C.R.; Kandler, O. & Wheelis, M.L. (1990). Towards a natural system of organisms: proposal for the domains *Archaea*, *Bacteria*, and *Eucarya*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 87: 4576-4579.

World Conservation Monitoring Centre. (ed.) (1992). *Global biodiversity: status of the Earth's living resources*. Chapman & Hall, London.

Simbologia de Marcação de Texto

Avaliação do Estado Atual do Conhecimento Sobre a Diversidade Microbiana no Brasil

Gilson Paulo Manfio

- material para destaques em *boxes* está destacado em amarelo
- inserção atual de figuras e tabelas pode ser alterada para atender às necessidades de diagramação do texto final