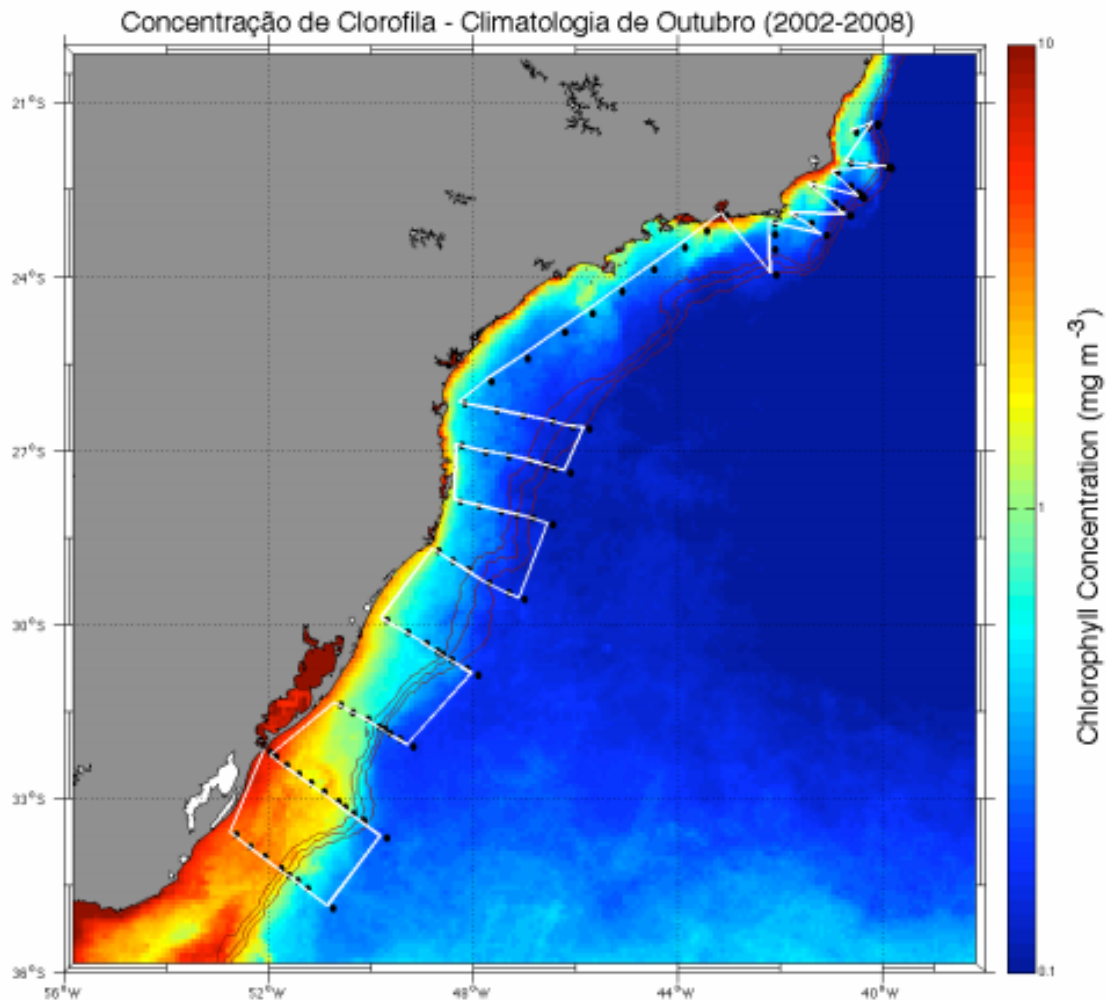


DINÂMICA DAS FRENTES DA PLATAFORMA E TALUDE SUPERIOR NO SUL E SUDESTE DO BRASIL E SUA INFLUÊNCIA NOS FLUXOS DE CARBONO ENTRE O CEANO E ATMOSFERA



RESUMO DO PROJETO

Compreender as relações entre a estrutura da cadeia planctônica e as trocas de carbono entre os oceanos e a atmosfera é fundamental para explicar o ciclo desse elemento no globo. Os vários destinos possíveis para o carbono incorporado na superfície dos oceanos pelo fitoplâncton e bactérias são diversos e dependentes de processos físicos e biológicos. As vias do carbono guiadas por organismos são função da estrutura das comunidades (grupos de espécies de fito- e zooplâncton e suas abundâncias relativas). Já os processos físicos, transportam nutrientes, e acumulam ou dispersam os organismos (material produzido). O enriquecimento das águas superficiais nos oceanos por nutrientes permite

ocrescimento e acúmulo dos produtores primários que, se fisiologicamente aptos, incorporam significativamente o CO₂ presente na atmosfera. Esse carbono primário é potencialmente consumido pelo zooplâncton. Em plataformas continentais, entretanto, a entrada de nutrientes por aportes continentais ou injeções de água de sub-superfície, além de nutrientes, enriquece potencialmente as águas superficiais com matéria orgânica dissolvida (MOD). Uma vez nas camadas superiores, a MOD se torna fonte de carbono orgânico para o desenvolvimento de comunidades de bacterianas, e quando exposta à irradiância solar, pode ser ainda foto-oxidada pela irradiância solar em ambos os casos, CO₂ é produzido nas águas superficiais, alterando o balanço das trocas de CO₂ com a atmosfera, mesmo quando os produtores primários são abundantes.

Regiões de plataforma continental apresentam ainda feições horizontais como frentes, que produzem interações complexas entre a biota e o ambiente físico. Os padrões de distribuição dos organismos planctônicos são modificados pela presença dessas frentes, cujas forçantes primárias são ventos, marés, aportes de água doce e o contato entre correntes oceânicas.

A equipe é constituída de vários pesquisadores de 7 (sete) instituições distintas, que empreenderá um esforço na coleta de dados físicos, óticos, químicos e biológicos, num desenho experimental coeso, multidisciplinar e integrado, que objetiva compreender os fluxos de CO₂ na interface oceano-atmosfera e processos biogeoquímicos associados nas frentes de plataforma e talude superior (FPTS), feições frequentes e muito importantes nas regiões sul e sudeste da costa brasileira. Para tanto, quantificaremos fluxos de CO₂ em relação à estrutura termohalina, concentração de nutrientes, à estrutura das comunidades planctônicas e microbianas em 3 (três) segmentos da plataforma e talude estrategicamente selecionados para interceptar as principais FPTS conhecidas. Os balanços de CO₂ entre o oceano e atmosfera serão relacionados com taxas de produtividade primária e bacteriana e estimativas de transporte de material particulado e dissolvido.

PARTICIPAÇÃO DO INCT-TMCOcean NO PROJETO

Dentro deste projeto, a Dra. Maria Luiza S. Fontes, da UFSC, irá enumerar o picoplâncton de 55 estações amostrais (em 5 profundidades) para determinar a quantidade de picoplâncton autotróficos (picofitoplâncton) e heterotróficos. Além disso, será avaliada a diversidade bacteriana de 30 estações amostrais a fim de avaliar a contribuição de grupos específicos bacterianos nos processos de transformação da matéria orgânica e, portanto, no ciclo do carbono. Para a determinação das populações picoplanctônicas (bactérias heterotróficas, *Synechococcus* sp., *Prochlorococcus* sp. e picoeucariotas), cerca de 5 a 10 ml de amostras serão fixadas com glutaraldeído 1% (concentração final) por 15 minutos, e rapidamente congeladas em nitrogênio líquido e armazenadas em freezer (-80°C) até a análise. As contagens serão realizadas no citômetro em fluxo BDFACS-Canto do Laboratório Multiusuário de Estudos em Biologia (LAMEB) do Centro de Ciências Biológicas da UFSC. No laboratório as amostras serão coradas com SYBER Green I (Molecular Probes) e esferas de 1µm amarelo-verde fluorescentes (Polysciences Inc.) serão adicionadas aos tubos.

A comunidade bacteriana será avaliada a partir do DNA bacteriano extraído e o 16S amplificado. Já a diversidade bacteriana será estimada através da técnica de DGGE, utilizando um gradiente de

desnaturação de uréia/formamida de 55% e 25% combinado ao gel de poliacrilamida de 8%. A imagem do gel de DGGE será digitalizada pelo mesmo programa através dos padrões de bandas no gel (presença/ausência), definindo as espécies bacterianas dentro de cada amostra. O número total de rибo tipos caracterizará a riqueza de cada estação amostral e as bandas dominantes e raras de cada estação serão retiradas, purificadas pelo uso do kit de purificação de DNA de gel da Qiagen conforme protocolo do fabricante (Qiagen, Chatsworth, CA) e enviadas para seqüenciamento no laboratório a definir. As seqüências serão alinhadas usando o programa CLUSTAL na versão Mega 3.1 e aquelas representativas serão extraídas do GenBank e adicionadas no alinhamento.

As distâncias médias entre grupos serão calculadas no mesmo programa e uma árvore filogenética das seqüências traduzidas será construída no Mega 3.1 usando os parâmetros padrões do programa. Com isso, as seqüências encontradas em cada local serão relacionadas à transformação da matéria orgânica e dinâmica do carbono na região.

A pesquisa ocorrerá em novembro de 2010 e conta com a participação de 7 outras instituições de ensino do país.