



I SIMPÓSIO DA SBPC NO AMAZONAS

Desafios e Perspectivas da Realidade Amazônica: Pesquisa e Sustentabilidade

29, 30 e 31 de agosto de 2006

Guarana fruits and seeds ...
2006 SP-S8528



CPAA-18330-1

MANAUS - AMAZONAS - BRASIL

S
8528

escassas informações sobre a fauna de peixes principalmente quanto à ecologia alimentar. Nesse contexto, esse estudo propõe caracterizar a estrutura trófica da assembleia de peixes durante o período de alagação do igapó do lago Tupé. O lago Tupé (3°12'36"S e 60°15'18"W) está situado na Reserva de Desenvolvimento Sustentável Tupé (RDS Tupé) à margem esquerda do rio Negro, cerca de 25 km a oeste de Manaus. O lago sofre influência do pulso de inundação do rio Negro que apresenta flutuação média do nível d'água variando anualmente entre 10 a 15m. Os peixes foram capturados com baterias de malhadeiras de vários tamanhos, 20 e 90 mm entre nós, expostas durante 24 horas com despesas em intervalos de 6 horas. As coletas dos peixes foram realizadas entre março a junho de 2005 e de fevereiro a maio de 2006. Os peixes capturados foram fixados em formol a 10%. Posteriormente transportados para o Laboratório de Biologia e Ecologia de Peixes de Áreas Alagáveis no Projeto INPA-Max-Planck, onde foram identificados e registrados os dados biométricos. A atividade alimentar foi avaliada através da identificação do grau de repleção estomacal. A composição da dieta foi determinada através da análise do conteúdo estomacal, utilizando os métodos da frequência de ocorrência (F.O) e volume relativo. Os resultados individuais de ambos os métodos foram combinados no índice de importância alimentar (IIA) e expressos em percentagem. Foram analisados 242 exemplares de oito espécies, *Acestrorhynchus falcirostris*, *Auchenipterichthys thoracatus*, *Cichla temensis*, *Cyphocharax abramoides*, *Hemiodus immaculatus*, *Hemiodopsis sterni*, *Parauchenipterus galeatus* e *Schizodon fasciatus*. Os principais recursos alimentares consumidos pelas espécies foram: Microcrustáceos – cladóceras, rotíferos e copépodos; Insetos – representados pelos insetos imaturos, larvas, ninfas e insetos adultos; Peixes – constituídos por restos, escamas e larvas.; Material vegetal – pedaços de folhas, flores e raízes. Algas – constituídas por algas unicelulares, filamentosas ou coloniais Frutos/sementes e Lodo. *A. falcirostris* (IIA = 99,40%) e *C. temensis* (IIA = 100%) foram considerados piscívoros por obterem peixes como item mais importante na sua dieta; *S. fasciatus* (IIA = 60%), herbívora por terem se alimentado principalmente de lodo, material vegetal e algas; *H. sterni* (IIA = 100%) e *C. abramoides* (IIA = 88,89%), zooplânctofagas, se alimentando principalmente de cladóceras; *A. thoracatus* (IIA = 92,34%) e *H. immaculatus* (IIA = 87,89%) insetívoros, tendo como item alimentar mais importante insetos e *P. galeatus* (IIA = 53,56% - 46,38%), onívora, tendo como itens alimentares insetos e frutos/ sementes. As espécies de peixes no período de alagação do lago Tupé se alimentam principalmente de peixes, organismos vegetais, insetos e zooplânctons, caracterizando as espécies capturadas em piscívoros, herbívoros, zooplânctofagas, insetívoros e onívoros. Instituição de fomento: CNPq. Trabalho de Iniciação Científica: PIBIC. Palavras-chave: dieta, igapó, peixes.

031-CARGA PARASITÁRIA DE NEMATÓIDES COLETADOS NO ESTÔMAGO DE *Arapaima gigas* (SCHINZ, 1822) EM AMBIENTE NATURAL. ¹Santos, M.S.; dolops.pesca@gmail.com; ²Gomes, A.L.; ³Correa, M.A.V.; ⁴Varella, A.M.B.; ⁵Belém-Costa, A.; ¹-UFAM; ²-INPA. O pirarucu *Arapaima gigas* (Schinz, 1822) pertence à ordem Osteoglossiformes, família Osteoglossidae, é um peixe que habita a bacia amazônica e pode chegar a atingir 3 m de comprimento, apresenta um hábito alimentar essencialmente piscívoro, e as melhores perspectivas para a criação (Cavero et al., 2003), devido sua alta velocidade de crescimento, podendo alcançar 10 kg no primeiro ano de criação, rusticidade ao manuseio e respiração aérea criação (Carvalho & Nascimento, 1992; Imbiriba, 2001). Este trabalho avaliou a carga parasitária de parasitas do filo Nematoda em pirarucus provenientes de ambiente natural. Os conhecimentos das associações parasitárias encontrados na natureza são fundamentais para a elaboração de estratégias de controle de infecções parasitárias e aspectos ecológicos da relação parasita-hospedeiro. Deste modo, informações sobre a carga parasitária de metazoários parasitas que utilizam o pirarucu como hospedeiro são necessárias para conduzir posteriores trabalhos que envolvam o manejo da espécie principalmente em condições de cultivo. Entre junho de 2000 a setembro de 2001 foram analisados 41 espécimes de pirarucu oriundos da reserva de Desenvolvimento Sustentável Mamirauá no Estado do Amazonas. O trato digestivo foi retirado e fixado em formol a 10% para coleta dos parasitas. Para identificação dos parasitas foram feitas lâminas permanentes com montagem total dos parasitas de acordo com o método "HYP"(Hundred Year Permanence). Os dados foram analisados com auxílio do pacote estatístico SAS (1995). Também foram determinados outros índices parasitários tais como: prevalência, intensidade e intensidade média, segundo Bush et al., (1997). Foram também determinados a dominância de cada espécie segundo Rohde et al.(1995) e o padrão de distribuição através do cálculo do índice de Green (Ludwig & Reynolds, 1988). Os hospedeiros examinados mediram 120,94 ± 30,24 (54,5 – 183,0) cm de comprimento total. Dos exemplares analisados, 39 (95,1%) estavam parasitados por pelo menos um espécime de Nematoda. Um total de 773 espécimes parasita foram coletados no trato digestivo. As espécies encontradas foram: *Goezia spinulosa* (Diesing, 1839), *Spirocamallanus tridentatus* (Drasche, 1884), *Procamallanus rarus* (Travassos, Artigas & Pereira, 1928) e *Terranova serrata* (Mosgovoy, 1951). Oito peixes (19,5%) apresentaram infestação por uma única espécie de Nematoda, 24 (58,5%) 3 (7,3%) tiveram infecções múltiplas por dois e três espécies de parasitas, respectivamente, sendo que dos 41 peixes analisados 29 (70,7%) apresentavam infecções por larvas de Nematodas que não puderam ser identificadas. Apenas um indivíduo pertencente à espécie *Spirocamallanus tridentatus* (Drasche, 1884) foi encontrado no pirarucu. A espécie com maior prevalência foi *T. serrata* com 80,5% e também mais abundante (5,3 parasitas). Por outro lado, *G. spinulosa* apresentou maior intensidade, variando de 1 a 57 parasitas por hospedeiro. Calculando o coeficiente de dominância em termos de espécie *T. serrata* foi a mais dominante (51,8%) em relação a *G. spinulosa* e *P. rarus* (47% e 1,5%, respectivamente). O padrão de distribuição determinado para cada espécie, foi maior que 1 indicando um padrão de distribuição agregado

para todas as espécies. Um elevado percentual de prevalência foi encontrado. Cerca de 70% dos hospedeiros apresentavam infecções por larvas. Essa grande abundância de larvas está relacionada, principalmente com o hábito alimentar da espécie hospedeira. Isto se confirma levando-se em conta que o pirarucu é um peixe essencialmente piscívoro, presente no topo da cadeia alimentar. Considerando que os índices parasitários apresentaram valores elevados e que os dados encontrados podem ser importantes para subsidiar medidas de manejo do *A. gigas* em ambiente de cultivo. Financiamento: FAPEAM. Palavras-chave: *Arapaima gigas*, estômago, carga parasitária.

032-HELICONIAS DA RESERVA EXTRATIVISTA DO BAIXO JURUÁ: POTENCIAL ECONÔMICO PARA COMUNIDADES LOCAIS. ¹Arruda, R.; rsarruda@inpa.gov.br; ²Carvalho, V.T.; ³Andrade, P.C.M.; ¹-INPA; ²-UFAM. Um organismo com potencial econômico para as Reservas Extrativistas da Amazônia são as ervas de sub-bosque da família Heliconiaceae. O gênero *Heliconia* é um dos mais vistosos grupos de plantas não madeireiras das florestas tropicais, e já é base de projetos envolvendo cultivo e comercialização destas ervas como plantas ornamentais. O objetivo deste trabalho foi realizar um levantamento das heliconias ocorrentes na Reserva Extrativista do Baixo Juruá. A coleta de dados ocorreu entre os meses de maio e junho de 2006, próximo às 13 comunidades que compõem a Resex do Baixo Juruá. As amostras consistiram de encontros por meio de avistamentos de heliconias nas margens do rio Juruá (limite oeste da Resex), bem como por caminhadas aleatórias em floresta de terra firme. Como unidade amostral foram considerados os indivíduos de cada espécie encontrada. Os indivíduos amostrados foram georeferenciados com GPS, e fotografados com máquina digital. Foram registradas oito espécies de *Heliconia* na Resex, *H. acuminata*, *H. chartacea*, *H. densiflora*, *H. hirsuta*, *H. juruana*, *H. lasiorachis*, *H. marginata* e *H. stricta*. As espécies que ocorreram em terra firme foram *H. acuminata*, *H. chartacea* e *H. densiflora*. Além disso, foram localizados poucos indivíduos destas espécies. As demais espécies ocorreram principalmente nas margens do rio Juruá, e foram amplamente distribuídas. Como não foi possível amostrar a Resex completamente, é provável que novas espécies, bem como novos registros das espécies amostradas, possam ser incluídas nesta lista aumentando o esforço amostral. O resultado positivo é que a presença de várias espécies com potencial ornamental na Resex, pode contribuir para futuros programas de manejo que relevem sua exploração sustentável, e que possa gerar renda para as comunidades locais. Palavras-chave: ervas de sub-bosque, manejo e conservação, Amazônia Central.

033-CARACTERIZAÇÃO DE GENES EXPRESSOS DE *Anopheles darlingi* (DIPTERA: CULICIDAE), AMAZÔNIA. ¹Souza, K.C.N.; ketlenchris@yahoo.com.br; ²Astolfi Filho, S.; ³Tadei, W.P.; ⁴Rafael, M.S.; ⁵INPA/CNPq/PIBIC; ⁶INPA/CPSC; ⁷CAM/UFAM. *Anopheles darlingi* é o principal vetor da malária no Brasil, com a maioria dos registros dessa doença na Amazônia, cuja enfermidade afeta mais de 90 países no mundo. A literatura relata que o aumento do número de casos da malária ocorre, especialmente, devido à resistência de mosquitos da malária a inseticidas sintéticos. A biblioteca de cDNA de larvas e adultos (*pool*) de *A. darlingi*, já produzida foi utilizada para identificar seqüências de genes expressos (*Expressed Sequence Tags - ESTs*) e fazer comparação com o genoma de *A. gambiae*. Fêz-se a preparação de plasmídeos (*miniprep*). Os produtos das *miniprep* foram analisados em gel de agarose a 0,8% e fotodocumentados, para estimar a quantidade de cDNA. No sequenciamento, utilizou-se o *primer* M13R: 5'- TAGGGAAACAGCTATGAC - 3' Reverso. Os produtos da reação de sequenciamento foram purificados e submetidos à eletroforese por capilaridade, no *MegaBACE¹⁰⁰⁰ DNA Sequencing System* (Amersham biosciences – GE health care™). A leitura e análise dos dados gerados foram realizadas pelos programas de *Base Calling* (*Base Caller Cimaron 1.53 Slim Phredfy*) e *ScoreCard* (*MegaBACE™*). A avaliação da qualidade das seqüências foram obtidas com o programa *Phred*. O programa *CAP3* foi utilizado no agrupamento das seqüências para a montagem de *clusters* e, posteriormente, estas seqüências foram submetidas ao banco de dados do *GenBank* (NCBI), por meio do programa *BLAST*, alinhadas com a modalidade *BLASTx*. Na seleção e quantidade das colônias recombinantes, obteve-se 1,9 x 10⁵ clones. Os resultados da busca no *GenBank*, por *BLASTx* foram selecionados pelo índice estatístico de *e-value*, onde foram aceitos os valores menores ou iguais a *e*⁻¹⁰. Obteve-se rendimento de 75% com o auxílio do programa *Scorecard* (GE Healthcare). Os clones sequenciados apresentaram entre 701 e 800 pb. Das 472 seqüências analisadas, 227 foram validadas pelo *Blastx*. Entre essas, 128 (56%) foram consideradas significativas e 99 (37%) não significativas, sendo que as seqüências que não apresentaram correspondência alguma no *GenBank*, denominou-se *no match*. A biblioteca de cDNA de larvas e adultos (*pool*) de *A. darlingi* foi validada, considerando que os *reads* (ESTs) gerados foram comparados e apresentaram similaridade principalmente com genes do complexo *Anopheles gambiae*, *Drosophila melanogaster* e de outros insetos depositados no *GenBank*. Esses resultados serviram para subsidiar ações de controle de *A. darlingi* e outros vetores da malária e disponibilizar essas ESTs na WEB database. CNPq/INPA/FAPEAM. Iniciação Científica – PIBIC/CNPq. Palavras-chave: *Anopheles darlingi*, ESTs, malária.

034-GUARANA FRUITS AND SEEDS ESTs MADS BOX ARE TYPE II LIKE. ¹Soares, S.K.B.; ²Carvalho, N.D.M.; ³Angelo, P.C.S.; ⁴Astolfi Filho, S.; ¹-Embrapa /PAIC/FAPEAM; ²- Embrapa/ PIBIC/CNPq; ³- Embrapa; ⁴-UFAM/ REALGENE. The guarana plant (*Paullinia cupana* var. *sorbilis*) is an Amazon rainforest native

dicotyledonous species that belongs to the Sapindaceae botanical family. In its natural habitat it is a liana or climbing plant that become a shrub, reaching 2-3 meters in height under cultivation. The inflorescences are 20-25 cm bunches and each one carries hundreds of feminine flowers - with tripartite stigmas and indehiscent anthers - and principally masculine flowers, that presents eight functional stamens organized around rudimentary ovaries. The aims of this work was to screen the recently developed REALGENE guarana fruits and seeds data bank for ESTs containing conserved domains related to the flowering process. The keywords "MADS" and "flower*" were used to search the automatic annotations in the data bank. These peptides were submitted to InterPro (<http://www.ebi.ac.uk/InterProScan/>) and the length, e-value and pfam domain identity numbers and names were recovered. Five ESTs were selected, with deduced amino acid sequences ranging from 98 to 191 residues. These sequences were annotated as MADS box proteins with GenBank NR best hits to GI 23194453, 34452087, 6651033, 6652756, and as CAGL2 with best hit to GI 6683777. All the sequences contained at least part of a K-box domain (HMMPfam PF01486), with 34 to 98 amino acid residues and e-values ranging from 4.0×10^{-43} to 5.2×10^{-6} . The K-box was preceded by 50 residues of a MADS box domain (HMMPfam PF00319) with e-values 1.8×10^{-33} and 1.2×10^{-28} in three ESTs. The distances between both domains, typically associated in plants, were 15, 16 and 56 residues, approximately. The MADS box domains in the above cited GenBank NR accessions that better hit the five guarana ESTs were classified as MF2-like, the type II subfamily of MADS that is found in *Agamous* and *Deficiens Arabidopsis thaliana* homeotic genes. MADS-box found in guarana fruits and seeds present type II-like MADS-box. Acknowledgments: CNPq/MCT for financial support. FAPEAM for the fellowship to the first author. Key-words: flowering, guaranazeiro, transcriptome

035-COMPARAÇÃO DA DISTRIBUIÇÃO DO GÊNERO *Elaphropeza* (DIPTERA, HYBOTIDAE, TACHYDROMIINAE) ENTRE DOIS EXTRATOS NA RESERVA DO PDBFF. ¹Freitas Silva, R.A.P.; ²rsilva@inpa.gov.br; ³Cruz, M.R.O.; ⁴Ale-Rocha, R.; ⁵1-INPA; ⁶2-UFAM. A subfamília Tachydromiinae é representada por pequenas moscas altamente diversificadas, predadoras de insetos menores. São bons corredores e obtêm alimento em superfícies como solo e folhas, apesar de algumas espécies caçarem no ar. O gênero *Elaphropeza* Macquart, 1827 foi observado em capim, arbustos, troncos e ramos de árvores e merece atenção pela atividade reguladora de pequenos insetos galhadores e escasso conhecimento do grupo, principalmente na região amazônica. O trabalho visou comparar a composição de *Elaphropeza* em dois extratos na Reserva do Projeto Dinâmica Biológica de Fragmentos Florestais-PDBFF, Manaus, AM e foi conduzido na reserva do PDBFF no km 41 da BR 174, integrante da ZF-3, norte de Manaus. Foram selecionadas seis trilhas distantes 700m e em dois pontos de cada trilha, um na borda e outro no interior da floresta, foram colocadas duas armadilhas suspensas de interceptação de voo com septo amarelo, uma no sub-bosque e outra no dossel, no total de 24 armadilhas. O grupo de pesquisas coordenado pela Dra. Ranyse Querino coletou quinzenalmente de maio de 2004 a abril de 2005. O material foi reservado em álcool e depositado na coleção do INPA. Utilizou-se o teste-t pelo programa R 2.3.1 para análise estatística. Obteve-se 78 espécimes de *Elaphropeza*, 28,21% na copa e 71,79% no sub-bosque. A análise estatística apontou diferença significativa ($F_{47,0,01} = 9,46$, $P = 0,04$). Conclui-se que há preferência dos membros desse gênero pelo sub-bosque. Palavras-chave: *Elaphropeza*, Tachydromiinae, Hybotidae.

036-UTILIZAÇÃO DE MARCADORES DE DNA MICROSSATÉLITES DO GENOMA DO CLOROPLASTO PARA ANÁLISE DE VARIABILIDADE GENÉTICA E FILOGEOGRAFIA EM DUAS ESPÉCIES ARBÓREAS DE SAVANA, *Curatella americana* (DILLENIACEAE) E *Byrsonima crassifolia* (MALPIGIACEAE). Feitosa, I.L.; lima.izabela@gmail.com; Lemes, M.R.; Porto, M.S.A.; Carneiro, A.; Sanaïotti, T.M.; Gribel, R.; INPA. Na Amazônia são encontradas manchas de savanas que tem a origem atribuída às alternâncias climáticas ocorridas durante o Pleistoceno, que deixou apenas ilhas do que possivelmente era uma paisagem dominante. Este trabalho objetivou determinar a variabilidade em locos microssatélites do cpDNA de *Curatella americana* e *Byrsonima crassifolia*, que ocorrem em savanas na Amazônia e no Brasil Central, para a compreensão das relações históricas entre essas savanas. As análises genéticas foram realizadas a partir de folhas coletadas de indivíduos de populações das espécies estudadas, em savanas na Amazônia (Rondônia, Roraima, Pará e Venezuela) e Brasil Central (Mato Grosso do Sul e Minas Gerais). A extração do DNA foi realizada utilizando-se protocolo CTAB. Foi analisada a variabilidade genética em seis locos microssatélites de cpDNA para *C. americana* e cinco de *B. crassifolia*. Para testar a hipótese de diferenciação genética foi feita uma Análise de Variância Molecular (AMOVA). A relação entre os haplótipos foi realizada por meio de uma análise de rede (NETWORK) pelo método Median-Joining. Foram observados 46 alelos e 48 haplótipos para *C. americana* e 27 alelos e 32 haplótipos para *B. crassifolia*. O número de alelos por loco variou de 3-11 para *C. americana* e de 3-8 para *B. crassifolia*. A variabilidade genética interpoblacional foi de 57% para *C. americana*, enquanto que para *B. crassifolia* foi de 55%. Para *C. americana* não houve compartilhamento de haplótipos entre as populações analisadas. Para *B. crassifolia*, um haplótipo foi compartilhado entre as savanas da Amazônia e do Brasil Central. A distribuição de haplótipos encontrados para *C. americana* sugere uma maior similaridade genética entre as populações de MG, MS, RO e PA. A disposição dos haplótipos de MG sugere que esta seja a população ancestral, a partir de onde se irradiaram os grupos de haplótipos que formaram as demais populações. As populações de RR e Venezuela apresentaram maior diferenciação, o que é consistente com seu isolamento geográfico. Para *B. crassifolia*, a população de MG é bastante diversificada e claramente diferenciada das demais e parece ter dado

origem aos haplótipos encontrados em RO. No extremo da rede encontram-se os haplótipos de MS, PA e RR, com padrão de relacionamento não claramente interpretável. Análises posteriores serão necessárias para se ter uma melhor ideia do relacionamento histórico entre as savanas estudadas. Instituição de fomento: PIBIC / CNPq. Palavras-chave: Microssatélites; genoma do cloroplasto; cerrado.

037-LEVANTAMENTO DAS COMUNIDADES PLANCTÔNICAS DAS ÁGUAS SUPERFICIAIS DA MARGEM DO AÇUDE VELHO, NO MUNICÍPIO DE CAMPINA GRANDE/PB. Costa, A.Q.; afonsoqueiroz@msn.com; Souza, J.T. O estudo das comunidades planctônicas das águas superficiais da margem do açude Velho serviu para avaliar o grau de poluição orgânica desses corpos aquáticos localizados na região de Campina Grande, Paraíba, Brasil. O objetivo deste trabalho foi identificar as comunidades planctônicas da margem superficial do açude Velho, visando compreender o processo de eutrofização desse corpo aquático. A pesquisa foi realizada em quatro pontos dos corpos aquáticos de tendência lântica e lótica, observando os seguintes aspectos: a ausência e a presença de esgotos, o lado do vento e a saída da água. As coletas foram realizadas no horário matinal (07:00 horas), com frequência semanal, e no período chuvoso. O parâmetro utilizado para determinar a contaminação deste ambiente aquático foi o microbiológico (identificação quantitativa dos organismos planctônicos e clorofila - A). Através das análises dos pontos identificados foram observadas as frequências das espécies de fitoplâncton do açude Velho. As algas encontradas com frequências e suas respectivas médias foram as do grupo Cyanophyta, com as espécies: *Microcystis aeruginosa* - 86, *Oscillatoria* sp. - 63,5, *Cylindrospermum muscicola* - 19,5 e a *Merismopedia punctata* - 26,25. O grupo das Chlorophytas foram encontradas a *Microterium puxirum* - 65,75, *Golenkenia radiata* - 49, *Scenedesmus* sp. - 18,25, *Pandorina morum* - 15, *Actinastrum hantzschii* - 7,5, *Ankistrodesmus* sp. - 7,5, *Pediastrum duplex* - 10, *Coelastrum microsporium* - 15, *Chorella variegata* - 3,5, *Chodatella wratiskawianensis* - 5,5, *Chloococcum humicola* - 5,75, *Closterium parvulum* - 3,75, *Closterium setaceum* - 9,75 e *Spirogyra* sp. - 3. No grupo das Euglenophytas foram encontradas as espécies: *Euglena gracilis* - 19,75 e *Phacus triquetus* - 11. No grupo das Bacillariophytas, foram encontradas a *Navicula integra* - 59, *Melosira itálica* - 42,5, *Cyclotella* sp. - 35,25 e o *Triceratium* sp. - 5. Já o zooplâncton encontrado nesse ambiente lacustre foram os Rotíferos, com os gêneros: *Keratella* sp., *Bachionus* sp., *Asplanchna* sp. e o *Trichocerca* sp.. Dos filos protozoas destacamos: o *Paramecium caudatum*, a *Ameba-de-vida-livre* e o *Coleps*. Do grupo dos crustáceos encontramos a *Daphnia* e *Cyclops*. Com bases nos grupos de algas estudadas o açude Velho foi caracterizado como ecossistema aquático poluído por apresentar grandes quantidades de espécies de algas indicadoras de poluição orgânica, justificando assim, sua forte tendência de eutrofização do corpo aquático. O resultado do estudo das comunidades de Micro e Macroorganismo do açude Velho permitiu concluir que a comunidade de macrófitas aquática com maior frequência nesse reservatório pertence à família Pontederiaceae com a espécie *Eichhornia crassipes*. Essas macrófitas funcionam também como produtora de matéria orgânica do corpo d' água em estudo. As espécies de algas e protozoários durante o período chuvoso são fortes indicadores de poluição orgânica e finalmente, o açude Velho foi considerado como corpo aquático eutrofizado, além de receber uma grande quantidade de esgotos domésticos. Palavras-chave: comunidades planctônicas, macrófitas, eutrofização.

038-ATIVIDADE LIGNINOLÍTICA DA CEPA AMAZÔNICA DE *Pycnoporus sanguineus* EM CULTURA ESTACIONÁRIA. Ferreira, F.S. fransferreira@yahoo.com.br; Fonseca, M.D.P.; Silva, A.C.; Roland, I.A.; UEA. O fungo *Pycnoporus sanguineus* é capaz de degradar enzimaticamente a estrutura da lignina contida na parede celular vegetal. Tais enzimas têm sido utilizadas em várias atividades industriais e de pesquisas, tais como na biorremediação do solo, na indústria de celulose e papel dentre outras. Na Amazônia, pouco tem sido feito no sentido de se estudar a atividade enzimática desses fungos considerando o potencial dessas enzimas para uso industrial. Objetiva-se neste trabalho caracterizar a atividade enzimática ligninolítica do fungo *Pycnoporus sanguineus* como subsídio para uso na bioindústria. Cepa do fungo foi crescida em meio líquido extrato de malte contendo dextrose e serragem de madeira de *Hura crepitans*, separadamente, como fonte de carbono em temperatura ambiente. O experimento foi realizado em triplicata em condição estacionária e produção enzimática observada a cada 48 horas de atividade por um período de 18 dias. Para atividade fenoloxidase e lacase utilizou-se metodologia de oxidação do substrato siringaldazina para sua forma de quinona que apresenta absorção a 460 nm e 525 nm respectivamente; A peroxidase foi determinada pela diferença da fenoloxidase menos a lacase. O meio com serragem foi o que apresentou maior concentração das enzimas. A máxima atividade de fenoloxidase (3,3 U/L) e peroxidase (2,7 U/L) no meio contendo serragem ocorreu no 13º dia, enquanto que para lacase (0,90 U/L) no 16º dia. Por outro lado, a máxima atividade de fenoloxidase (1,9 U/L) e peroxidase (1,7 U/L) no meio contendo dextrose ocorreu no 7º dia de crescimento, enquanto que para lacase (0,6 U/L) no 13º dia. A concentração de fenoloxidase no meio contendo serragem foi em média aproximadamente 69% maior do que naquele contendo dextrose. Da mesma maneira, a concentração de peroxidase foi aproximadamente 53% e da lacase 37% maior no meio contendo a serragem de madeira de *H. crepitans*. Os resultados apresentados mostram que a maior produção enzimática ligninolítica do fungo ocorre em meio de crescimento