



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE TECNOLOGIA E GEOCIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE OCEANOGRAFIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM OCEANOGRAFIA



GABRIELA CRISTINA CHAGAS MOURA

**INFLUÊNCIA DE PARÂMETROS METEOCEANOGRÁFICOS EM
MICROORGANISMOS DO OCEANO ATLÂNTICO TROPICAL**

Recife

2023

GABRIELA CRISTINA CHAGAS MOURA

**INFLUÊNCIA DE PARÂMETROS METEOCEANOGRÁFICOS EM
MICROORGANISMOS DO OCEANO ATLÂNTICO TROPICAL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Oceanografia da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de mestre em Oceanografia.

Área de concentração: Oceanografia abiótica.

Orientadora: Profa. Dra. Dóris Regina Aires Veleda.

Coorientadora: Profa. Dra. Oscarina Viana de Sousa.

Recife

2023

M929i Moura, Gabriela Cristina Chagas.
Influência de parâmetros meteoceanográficos em microorganismos do Oceano Atlântico Tropical / Gabriela Cristina Chagas Moura. – 2023.
76 f. : il., fig., quad., tab.

Orientadora: Profa. Dra. Dóris Regina Aires Veleda.
Coorientadora: Profa. Dra. Oscarina Viana de Sousa.
Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Pernambuco. CTG.
Programa de Pós-graduação em Oceanografia. Recife, 2023.
Inclui referências e apêndice.

1. Oceanografia. 2. Bioaerossóis. 3. Parâmetros meteoceanográficos. 4. Oceano Atlântico Tropical. 5. Bóias pirata. I. Veleda, Dóris Regina Aires (Orientadora). II. Sousa, Oscarina Viana de (Coorientadora). III. Título.

UFPE

551.46 CDD (22. ed.) BCTG/2023-274

GABRIELA CRISTINA CHAGAS MOURA

**INFLUÊNCIA DE PARÂMETROS METEOCEANOGRÁFICOS EM
MICROORGANISMOS DO OCEANO ATLÂNTICO TROPICAL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Oceanografia, Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Tecnologia e Geociências, como requisito parcial para obtenção do título de mestre em Oceanografia. Área de concentração: Oceanografia abiótica.

Aprovada em: 31/08/2023.

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Dóris Regina Aires Veleza (Orientadora)
Universidade Federal de Pernambuco

Profa. Dra. Francisca Gleire Rodrigues de Menezes (Examinadora Externa)
Universidade Federal do Ceará

Prof. Dr. Antonio Geraldo Ferreira (Examinadora Externa)
Universidade Federal do Ceará

AGRADECIMENTOS

Primeiramente ao universo e as forças espirituais pela determinação e capacidade de finalizar esse trabalho e por toda proteção durante meu caminho.

Agradeço a toda minha família, em especial a minha irmã, Germana Cristina, por ser meu grande e caótico par na vida, sem você eu não alcançaria nada. A minha mãe Giliana Targino por todo o esforço e empatia por mim durante esse momento, você é sempre um grande exemplo de persistência para mim. Também ao meu pai, Gerson Kley, que é sempre um pilar de força na minha vida.

A minha prima Glauciene Targino pelos momentos partilhados durante essa trajetória, assim como Tia Dodora e Tia Gláucia. Sem vocês nada disso seria possível.

Agradeço à minha orientadora, a Professora Dra. Dóris Veleda, pela oportunidade, pelos ensinamentos, compromisso e paciência no decorrer desta jornada.

A Professora Dra. Oscarina Viana de Sousa, minha coorientadora, pela parceria, oportunidades e por tudo que partilhamos ao longo de todos esses anos trabalhando juntas.

Aos membros da banca examinadora por aceitarem o convite e pelas contribuições feitas para o aprimoramento deste projeto.

Agradeço especialmente a Isaias Farias da Câmara, por ter me acompanhado, pessoal e profissionalmente, durante todo esse tempo, por ter sempre estado aqui. Por tudo.

A Vitor Ricardo por todo o suporte, conversas e tantos ensinamentos com tanta paciência, você é incrível amigo e tenho certeza que seu caminho será imensamente iluminado, estou torcendo por você e espero te levar por toda a vida.

A Anna Luisa por todos os conhecimentos de biologia molecular e de vida, você é um grande exemplo e uma grande amiga.

A Júnior Ferreira por toda ajuda na parte estatística e por ser sempre atencioso.

A Eduardo Contreras pelo apoio, cuidado e carinho comigo durante parte dessa trajetória.

A Cristiane Teles por ser uma mãe durante meus anos de laboratório e por todo o cuidado e empatia que sei que sempre teve por mim. Serei sempre grata e te guardarei sempre com muito carinho no meu coração.

A todos do LAMAP que estiveram comigo nesse período e em toda minha trajetória no laboratório, partilharam momentos comigo e me ajudaram, especialmente aos que se tornaram grandes amigos ao longo do mestrado: Yasmim Girão, Jamille Rabelo e Miguel Vieira.

Ao Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo fomento, sem o qual não poderia ter realizado o mestrado.

Agradeço ao projeto PIRATA e ao INPE, em especial ao Prof. Antônio Geraldo e todos os pesquisadores envolvidos, pela oportunidade de ter embarcado e assim construir esse trabalho e obter tantos outros conhecimentos.

A todas as mulheres que seguem fazendo ciência apesar de todas as dificuldades que enfrentamos e especialmente a cada uma que me serviu de exemplo.

Por fim, a todos que, de uma forma ou de outra, contribuíram para a realização deste trabalho.

RESUMO

O Oceano Atlântico Tropical é uma região dinâmica e de grande importância mundial. Essa área vem apresentando mudanças em suas propriedades químicas, físicas e biológicas, o que pode impactar os ciclos biogeoquímicos e mudanças na microbiota presente na região. Os bioaerossóis na área de estudo são formados por múltiplos compostos, dentre eles, organismos fúngicos que apresentam importância global devido a seus papéis como nucleadores de nuvens e possíveis atuantes no clima. Dessa forma, o conhecimento sobre os microrganismos presentes no ar de áreas oceânicas é essencial para compreender o ambiente em que está inserido assim como seus papéis no ecossistema. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a possível influência de variáveis meteorológicas e oceanográficas na composição da microbiota dos bioaerossóis ao longo do oceano Atlântico Tropical. Foram realizadas amostragens microbiológicas durante expedições embarcadas até a área de estudo durante os anos de 2017 e 2022 em diferentes períodos sazonais buscando a maior diversidade microbiológica cultivável possível, em conjunto, no momento da realização das coletas, diferentes variáveis meteoceanográficas foram coletadas. Os resultados microbiológicos de sequenciamento genético indicam 10 identificações divergentes a partir de 19 isolados obtidos. Destes, há diferenças entre os gêneros isolados das amostras dos anos de 2017 a 2022, assim como há alternância de acordo com cada ponto de coleta realizado. O gênero predominante foi *Aspergillus* sp. (26%), seguido por *Candida* sp. (11%) e *Curvularia* sp. (11%) e o restante dos representantes *Cladosporium* sp. (5%), *Cystobasidium* sp. (5%), *Exophiala dermatitidis* (5%), *Neotestudina* sp. (5%), *Penicillium* sp. (5%), *Pestalotiopsis* sp. (5%), *Preussia* sp. (5%) e *Rhodotorula sphaerocarpa* (5%). Quando comparadas anualmente, as variáveis meteoceanográficas apresentaram diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os anos de coleta. Associando a diversidade microbiológica e a metodologia de coleta, a umidade relativa do ar e a velocidade dos ventos foram maiores no ano que apresentou maior diversidade (2022). O ano de coleta com maior diversidade fúngica aerolizada (2022) apresentou ainda anomalias positivas de temperatura superficial do mar, podendo estar associado a valores de temperaturas mais altos durante a formação da microbiota que é aerolizada. Em conclusão, a temperatura superficial do mar e a velocidade dos ventos são, possivelmente, as principais determinantes da microbiota presente em aerossóis marinhos. Os resultados reforçam a necessidade de pesquisas para aprofundar os conhecimentos acerca do tema, sobretudo destacando as mudanças climáticas globais e seus possíveis impactos em organismos fúngicos.

Palavras-chave: bioaerossóis; parâmetros meteorológicos; Oceano Atlântico tropical; bóias pirata.

ABSTRACT

The Tropical Atlantic Ocean is a dynamic region of great global importance. This area has been showing changes in its chemical, physical and biological properties, which can impact the biogeochemical cycles in the region and also changes in the microbiota present in the region. The bioaerosols in the study area are formed by multiple compounds, among them fungal organisms that have global importance due to their roles as cloud nucleators and possible actors in the climate. Thus, knowledge about microorganisms present in the air of oceanic areas is essential to understand the environment in which they are inserted, as well as their roles in the ecosystem. The present work aimed to evaluate the possible influence of meteorological and oceanographic variables on the microbiota composition of bioaerosols along the Tropical Atlantic Ocean. Microbiological samplings were carried out during embarked expeditions to the study area during the years 2017 and 2022 in different seasonal periods, seeking the greatest cultivable microbiological diversity possible. The microbiological results of genetic sequencing indicate 10 divergent identifications from 19 isolates obtained. Of these, there are differences between the genera isolated from the 2017 and 2022 samples, as well as it varies according to each collection point carried out. The predominant genus was *Aspergillus* sp. (26%), followed by *Candida* sp. (11%) and *Curvularia* sp. (11%) and the remaining *Cladosporium* sp. (5%), *Cystobasidium* sp. (5%), *Exophiala dermatitidis* (5%), *Neotestudina* sp. (5%), *Penicillium* sp. (5%), *Pestalotiopsis* sp. (5%), *Preussia* sp. (5%) and *Rhodotorula sphaerocarpa* (5%). When compared annually, the meteoceanographic variables showed significant differences ($p < 0.05$) between the years of collection. Associating microbiological diversity and collection methodology, relative humidity and wind speed were higher in the year that presented the greatest diversity (2022). The year of collection with the highest airborne fungal diversity (2022) also showed positive sea surface temperature anomalies, which may be associated with higher temperature values during the formation of the microbiota that is airborne. In conclusion, sea surface temperature and wind speed are possibly the main determinants of the microbiota present in marine aerosols. The results reinforce the need for research to deepen knowledge on the subject, especially highlighting global climate change and its possible impacts on fungal organisms.

Keywords: bioaerosols; meteoceanographic parameters; Tropical Atlantic Ocean; pirata buoys.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	10
2	OBJETIVOS	19
3	ÁREA DE ESTUDO	20
4	METODOLOGIA	23
4.1	COLETA DE DADOS.....	23
4.2	PROCESSAMENTO DAS AMOSTRAS.....	24
4.3	ISOLAMENTO E IDENTIFICAÇÃO DAS ESTIRPES FÚNGICAS.....	25
4.4	EXTRAÇÃO DE DNA.....	26
4.5	REAÇÃO EM CADEIA DE POLIMERASE (PCR).....	27
4.6	SEQUENCIAMENTO DE DNA.....	28
4.7	PARÂMETROS METEOCEANOGRÁFICOS.....	28
4.8	TESTES ESTATÍSTICOS.....	29
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	30
5.1	FUNGOS.....	30
5.2	PARÂMETROS METEOCEANOGRÁFICOS E MICROORGANISMOS....	38
6.0	CONCLUSÃO.....	43
	REFERÊNCIAS	44
	APÊNDICE A – ARTIGO PUBLICADO.....	53

1 INTRODUÇÃO

O Oceano Atlântico tropical é delimitado entre 20°N e 20°S e 70°W a 20°E, é composto por três camadas do oceano superior, Água Superficial Tropical, Água Central e Água Intermediária Antártica (Stramma & Schott, 1999).

O oceano Atlântico Tropical (AT) conecta os ramos sul e norte da circulação meridional do Atlântico e recebe entrada de água doce de alguns dos maiores rios do mundo, dentre eles o rio Amazonas. No AT estão ocorrendo mudanças significativas nas variáveis físicas e biogeoquímicas, incluindo temperatura, oxigênio, disponibilidade de nutrientes e pH (Foltz *et al.*, 2019). Parte dessas mudanças podem representar alterações nos padrões e variabilidade climáticos do AT.

A variabilidade do AT envolve processos acoplados oceano-atmosfera e suas interações, mais notavelmente, variações dos ventos alísios, temperatura da superfície do mar (TSM) e chuva (Xie e Carton, 2004). Também podem ocorrer influências externas como do El Niño Southern Oscillation (ENSO), da Oscilação do Atlântico Norte (North Atlantic Oscillation – NAO) e do Anticiclone do Atlântico Sul (Enfield; Mayer, 1997; Lübbecke *et al.*, 2010; Lübbecke; Mcphaden, 2012). A variabilidade interanual do Atlântico tropical pode ser descrita em termos de dois modos climáticos principais: o Modo Zonal Atlântico (Atlantic Zonal Mod - AZM) e o Modo Meridional Atlântico (Atlantic Meridional Mode - AMM). O AZM é também comumente conhecido como Niño do Atlântico, que está associado a anomalias de TSM no leste do equador (Zebiak, 1993), enquanto o AMM é caracterizado por um gradiente meridional de TSM e anomalias de vento (Lübbecke *et al.*, 2018).

A região equatorial, importante porção inserida na área do AT, é marcada por correntes predominantemente zonais, composta por correntes e contracorrentes de leste. As interações oceano-atmosfera desempenham um importante papel no ciclo sazonal de toda a região do AT alterando padrões climáticos de variáveis como correntes, temperatura e sistema de ventos (Arnault; Kestenare, 2004). Nessa área, eventos de variabilidade e anomalias climáticas ocorrem em escalas de tempo que variam desde sazonais até multidecenal. Esta variabilidade interfere na distribuição de chuvas, na ocorrência de condições climáticas extremas, na temperatura e na biogeoquímica oceânica. Alterações nesses fatores podem desencadear desequilíbrios como secas, inundações, ciclones tropicais e afetar ecossistemas marinhos inteiros, causando sérios impactos econômicos, sociais e ambientais (Foltz *et al.*, 2019).

O clima tropical, característico do AT é marcado por altas temperaturas do ar, com médias anuais que atingem valores acima de 20°C e ainda uma baixa variação térmica anual (TREWIN, 2014). O clima do AT é afetado por diversos sistemas meteorológicos, os mais significativos são os Sistemas Convectivos de Mesoescala (SCM), os Vórtices Ciclônicos de Altos Níveis (VCANs), os Distúrbios Ondulatórios de Leste (DOL) ou Ondas de Leste, e a Zona de Convergência Intertropical (ZCIT) (Coelho, 2004).

A ZCIT exerce um papel de alta importância nos regimes de chuvas nos trópicos (Aimola; Moura, 2016), chegando a ser responsável por até 32% da precipitação global (Kang; Shin; Xie, 2018). Ela é formada pela convergência dos ventos Alísios na zona de máxima temperatura superficial do mar (TSM), ou equador térmico (Ferreira, 1996). Sazonalmente as características da ZCIT migram de 14°N, de agosto a setembro, até a sua posição mais ao sul, em 5°S, de março a abril, afetando assim o regime de chuvas na região oceânica e continental (Melo; Cavalcanti; Souza, 2009 *apud* Cavalcanti; Schneider; Bischoff; Haug, 2014). Segundo Philander *et al.* (1996), essa assimetria da ZCIT se deve sobretudo à geometria dos continentes. Para Marshall *et al.* (2014) e Frierson *et al.* (2013) a posição média ao Norte do equador acontece em grande parte pela influência da Circulação de Revolvimento Meridional do Atlântico (CRMA), responsável por transportar calor através do oceano para o hemisfério Norte.

Dentre as causas da variabilidade dos parâmetros meteoceanográficos do AT, destaca-se a presença característica e cíclica de fenômenos climáticos como o El Niño-Oscilação Sul (ENOS) e o Dipolo do Atlântico (Aragão, 1998).

ENOS é um poderoso fenômeno climático com capacidade de alterar o clima global, influenciando a temperatura e a precipitação em todo o mundo (Yang *et al.*, 2018). Ele é formado por dois eventos acoplados: o El Niño (EN) e a Oscilação Sul (OS). O El Niño (La Niña) é um aquecimento (resfriamento) anômalo das águas superficiais do Oceano Pacífico equatorial central e leste. A OS é uma resposta atmosférica às variações de temperatura do Oceano Pacífico Equatorial, levando a mudanças na circulação geral da atmosfera. O ENOS pode durar meses até anos (WMO, 2014). A fase positiva dele causa seca na Indonésia, Austrália, Nordeste do Brasil e maiores precipitações no Peru, Equador e Ilhas do Pacífico central e leste. As regiões extratropicais também são afetadas, com temperaturas elevadas no Alasca, Sudeste da Ásia, sul e sudeste do Brasil e chuvas acima da média no sul e sudeste do Brasil, Uruguai e norte da Argentina (Aragão, 1998).

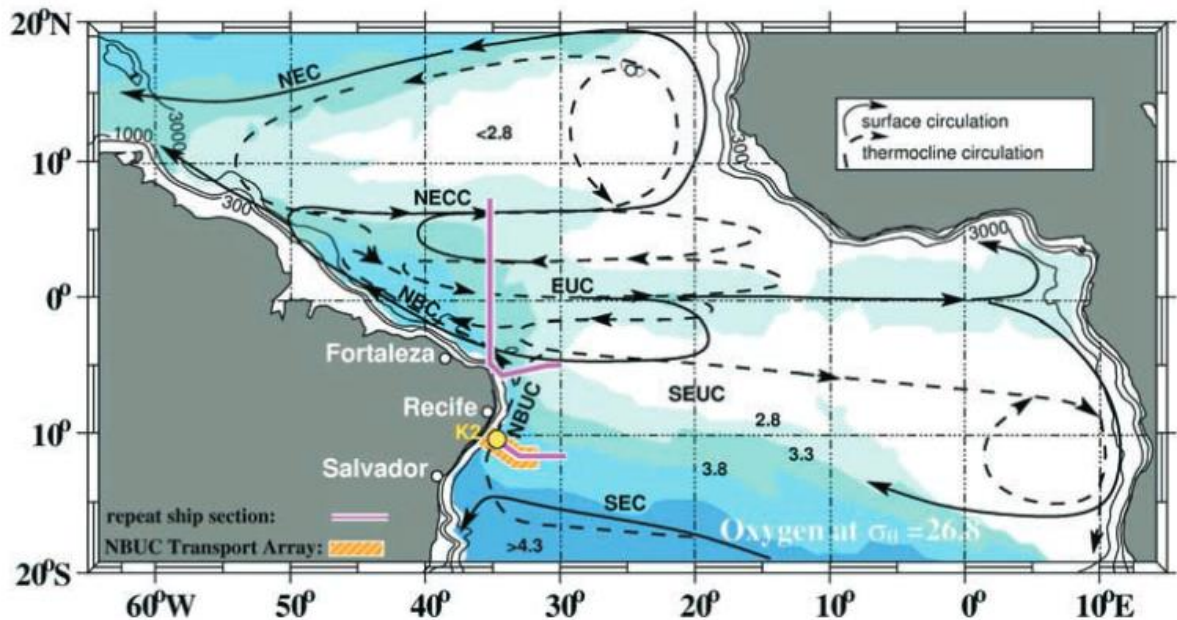
O Dipolo do Atlântico é um modo de variabilidade climática ocasionada por anomalias inter-hemisféricas da TSM no Oceano Atlântico Tropical. Essas anomalias térmicas afetam a

circulação atmosférica da região, influenciando no deslocamento meridional da ZCIT e na distribuição de chuvas no Atlântico. Nos anos em que o Atlântico Tropical Norte está mais quente e o Atlântico Tropical Sul está mais frio (dipolo positivo), a circulação atmosférica possui movimento ascendente na região mais aquecida, movendo a ZCIT para a sua posição mais a norte, causando secas no nordeste brasileiro e em alguns países da África Ocidental. Já quando o Atlântico Norte está mais frio que o Atlântico Sul (dipolo negativo) os movimentos atmosféricos ascendentes passam a ocorrer mais ao Sul, levando ao deslocamento da ZCIT e a precipitações no Brasil e na África (Moura; Shukla, 1981; Aragão, 1998). Os padrões climáticos e sistemas meteorológicos característicos da região também estão associados à variabilidade das correntes marítimas do AT.

O sistema de correntes superficiais e profundas, que engloba todas as bacias oceânicas, é conhecido como Célula de Revolvimento Meridional (Meridional Overturning Circulation - MOC) (Schmittner *et al.*, 2007). A circulação superficial é forçada principalmente pelo cisalhamento dos ventos, força de fricção atua na superfície do mar, uma vez que ocorre a mudanças na direção, velocidade e extensão nas correntes oceânicas são resultantes da variação dos padrões de vento. Além disso, outro fenômeno que determina a circulação superficial oceânica são os padrões de vórtices, influenciando as correntes superficiais através da instabilidade dinâmica.

O sistema de correntes superficiais do AT é marcado principalmente pela Corrente Equatorial Sul (SEC) e a Corrente Equatorial Norte (NEC) (Figura 1). O sistema da SEC, a qual flui desde o Sul da costa da África até a costa brasileira, divide-se em três subcorrentes: a Corrente Equatorial Sul Sul (sSEC), a Corrente Equatorial Sul Central (cSEC) e a Corrente Equatorial Sul Norte (nSEC) (Molinari, 1982). A sSEC forma a parte norte do Giro subtropical do Oceano Atlântico Sul, carregando água subtropical da Corrente de Benguela em direção a região da plataforma do Brasil, a bifurcação próximo à costa do Brasil ocorre entre 10°S e 20°S formando uma corrente de contorno oeste e uma subcorrente: a Corrente do Brasil (BC) e a Subcorrente Norte do Brasil (NBUC) (Evans; Signorini, 1985; Peterson e Stramma, 1991). O giro subtropical do Atlântico Sul nos primeiros 100 metros de profundidade é limitado ao sul pela Corrente do Atlântico Sul (CAS) que flui para leste.

Figura 1 - Diagrama esquemático da circulação atlântica subtropical e tropical rasa (sólido: correntes de superfície; tracejado: correntes termoclinas). Os ramos de corrente marcados são Correntes Equatoriais Norte e Sul (NEC, SEC), Contracorrente Equatorial Norte (NECC), Corrente e Subcorrente Norte do Brasil (NBC, NBUC), Correntes Equatoriais Sul e Subcorrentes Equatoriais (SEUC, EUC).



Fonte: Schott *et al.* (2002).

A cSEC, atinge a costa brasileira em torno de 5° S transportando em torno de 15 Sv em direção ao Norte, com escoamento intenso de núcleo entre 100 a 150 m bordejando o talude continental (Silveira *et al.*, 1994). Ao encontrar a NBUC a cCSE soma-se a esta corrente sub-superficial e as duas formam a Corrente Norte do Brasil (NBC), mais intensa, que continua a fluir a 22 Sv para noroeste. Depois de atravessar o equador, a NBC segue avançando para noroeste ao longo da costa e, ao passar pela foz do Rio Amazonas, sofre uma retroflexão para o leste, aproximadamente em 7 °N e 48°W (Lumpkin; Garzoli, 2005). A NBC flui em direção noroeste, alcançando velocidades máximas de aproximadamente 1,0 m/s (Richardson *et al.*, 1994). Sua maior taxa de transporte, atingindo $36 \times 10^6 \text{ m}^3/\text{s}$, ocorre em julho-agosto, enquanto a taxa de transporte mínima de $13 \times 10^6 \text{ m}^3/\text{s}$ é observada em abril-maio (Johns *et al.*, 1998). Essa corrente tem seu papel de destaque em servir como um conduto para os nutrientes transportados pela descarga do Rio Amazonas, fluindo na direção noroeste ao longo da plataforma brasileira (Muller-Karger *et al.*, 2005). O transporte da NBC é mais significativo quando a corrente atinge sua maior latitude, liberando um anel durante esse processo (Garzoli *et al.*, 2004). A NBC apresenta variação sazonal no seu transporte e na sua trajetória. Entre fevereiro e junho, verão e outono no hemisfério Sul, a NBC apresenta fluxo contínuo ao longo da borda oeste do AT para noroeste. Resultando em um padrão que

representa o aumento no fluxo da NBC sobre o talude continental na costa brasileira entre o verão e o outono, em contrapartida o fluxo diminui sobre o talude entre o inverno e o verão no hemisfério Sul (Johns *et al.*, 1990). A retroflexão da NBC ocorre entre as latitudes 5 °N e 10 °N no período de julho a janeiro, época predominante dos ventos alísios de sudeste, alimentando a NECC (Peterson e Stramma, 1991; Bourlès *et al.*, 1999). Na parte equatorial leste, durante a primavera e início do verão, águas quentes de até 24°C dominam na região. No final do verão, quando é esperado um forte aquecimento superficial, predomina uma língua de água fria. O fortalecimento dos ventos de leste provoca a formação de uma termoclina rasa, causando uma queda nas temperaturas da camada de mistura ao longo do equador em vários graus e o surgimento de uma língua rasa de água fria equatorial entre 30°W - 0°W e 4°S - 2°N (Grodsky e Carton, 2002; Wilson *et al.*, 1994). Em 4°N e 38°W, a salinidade superficial geralmente varia na faixa de 34,8 no final da primavera e início do verão, com valores ocasionalmente mais baixos, chegando a 34,4, e aumenta para 36,2 no final do outono e inverno. Mais a leste, a salinidade superficial é ligeiramente inferior à média (PIRATA website).

A partir de modelos de circulação, Malanotte-Rizzoli (2003) mostraram que a retroflexão da NBC gera em torno de 6 a 7 vórtices anticiclônicos por ano. Esses vórtices podem ser chamados de anéis e, segundo Garzoli *et al.* (2003) são responsáveis por mais da metade da troca inter-hemisférica de massa e calor associada à MOC. Eles viajam na direção noroeste ao longo da costa da Guiana devido à conservação da vorticidade potencial (Didden e Schott, 1993; Wilson *et al.*, 2002), com sua separação da retroflexão da NBC observada de novembro a janeiro, quando a retroflexão da NBC se funde com a NECC (Didden; Schott, 1993).

A variabilidade da NBC é influenciada pela direção dos ventos no norte do Brasil. Os ventos alísios na faixa equatorial mostram variações sazonais, soprando principalmente do sudeste de junho a novembro e do nordeste de dezembro a maio no AT (Geyer *et al.*, 1996). Quando o padrão dos ventos alísios é predominantemente de nordeste, a NBC é confinada ao longo da costa e flui para noroeste. O ramo sul da SEC, após se tornar BC, passa a ser parte do giro subtropical do Oceano Atlântico Sul. As correntes que compõem o sistema da circulação do AT apresentam variações de acordo com a sazonalidade em larga escala dos ventos que causam deslocamentos na faixa da ZCIT.

A NEC é caracterizada por seu fluxo para leste, abrangendo uma faixa de profundidade que varia de 65 a 270 metros e posicionando-se centralmente em 5°N. Seu limite superior é frequentemente estabelecido na camada de densidade neutra de 24,5 kg m⁻³, que separa as

águas superficiais tropicais das águas subtropicais (Bourlès *et al.*, 1999; Goes *et al.*, 2013; Schott *et al.*, 1995). Embora a velocidade do núcleo NEUC (0,1 a 0,3 m s⁻¹) seja uma das mais baixas entre as correntes fora do equador impulsionadas pelo vento no Atlântico tropical, a NEC desempenha um papel crucial como rota de suprimento de oxigênio para a Zona Mínima de Oxigênio (OMZ) no Atlântico Norte Tropical Oriental (Brandt *et al.*, 2010; Stramma *et al.*, 2008).

A NECC é uma corrente oceânica marcante no Pacífico tropical, fluindo rapidamente de oeste para leste entre as latitudes aproximadas de 4°N e 10°N (Kendall; Wyrki, 1967; Kessler, 2006; Philander; Hurlin, 1987). Ela é posicionada entre a SEC e a NEC, sendo mais intensa durante o verão e outono (Philander; Hurlin, 1987; Reverdin *et al.*, 1994). A NECC está centrada em cerca de 5°N no oeste do Pacífico e se desloca ligeiramente para o norte à medida que avança para o leste, atingindo aproximadamente 7-8°N no Pacífico central e oriental (Donguy; Meyers, 1996; Johnson *et al.*, 2002). Sua velocidade máxima é de quase 0,5 m/s e normalmente flui acima da termoclina, não penetrando mais fundo do que 200-300 m (Johnson *et al.*, 2002).

Essa contracorrente também ocorre no Atlântico. Sua localização geralmente coincide com a zona de convergência intertropical (ITCZ). A NECC depende do mínimo local na tensão do vento zonal, esse ocorre devido à convergência dos ventos alísios de sudeste do Hemisfério Sul e dos ventos alísios de nordeste do Hemisfério Norte ao longo da ITCZ. Esse mínimo de tensão de vento zonal é essencial para a NECC, garantindo sua continuidade (Lee *et al.*, 2013).

A TSM e sua variabilidade também são associadas a sazonalidade e variação decadal do clima do AT. Um exemplo disso são as zonas de ressurgência costeira sazonal, como as próximas a corrente de Benguela (Cabos *et al.*, 2019). No equador, a TSM apresenta um ciclo sazonal onde há um rápido resfriamento causado por ventos de sudeste e um lento aquecimento da região (Okumura; Xie, 2004). Esses ventos de sudeste causam ressurgência e, consequentemente, elevam a termoclina na região sul do equador. De forma geral, o ATN apresenta altas TSMs, visto que é uma região tropical e que, ainda, é caracterizado pela presença e frequência de furacões e ciclones tropicais. Dito isso, altos valores de TSMs podem causar intensificação de Ciclones Tropicais, além da migração destes eventos de tempestade causarem um aprofundamento da camada de mistura, e diminuição da TSM, efeito este conhecido como “cold wake” (Cione; Uhlhorn, 2003).

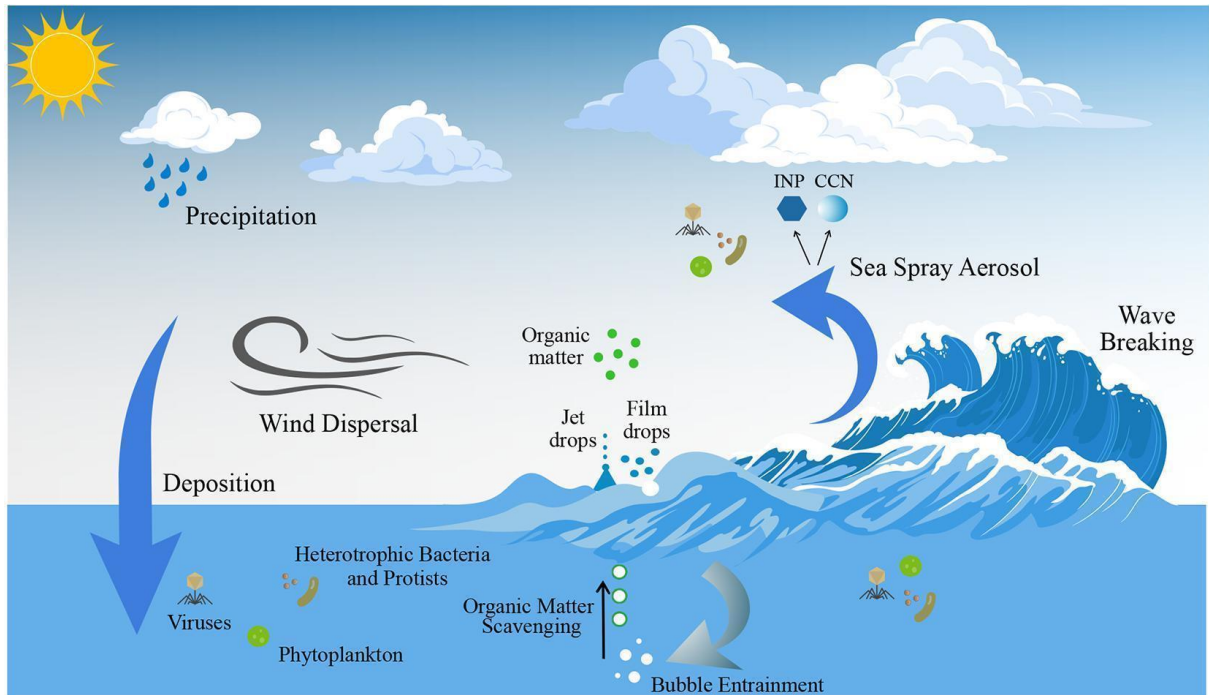
A interface oceano-atmosfera pode ser associada a sazonalidade do AT devido a sua posição na coluna d'água, onde, assim, apresenta um papel ativo e relevante na troca de

produtos químicos e biológicos entre os oceanos e a atmosfera (Cabos *et al.*, 2019, Cunliffe; Murrell, 2009). A microcamada superficial oceânica (MCSO) corresponde às primeiras centenas de micrômetros da coluna d'água e, portanto, situa-se na interface oceano-atmosfera apresentando grande importância em diversos processos biogeoquímicos globais (Alves, 2014; Cunliffe *et al.*, 2013). A MCSO é a principal contribuinte de componentes para a formação de aerossóis na atmosfera. Esse processo se inicia com a quebra das ondas, arrastando consigo o ar que, por sua vez, provoca o estouro de bolhas na interface entre o ar e o mar. Essas bolhas elevam-se na atmosfera, gerando jatos e pequenas gotas de filme, que se unem para formar o aerossol. Além disso, o processo primário de formação do aerossol marinho, através da pulverização das ondas do mar, também leva à transferência de microrganismos marinhos e matéria orgânica para a atmosfera. Esses componentes biológicos são transportados sobre os oceanos e eventualmente depositados em outras regiões, através de processos como a deposição úmida (Figura 2).

Dessa forma, a geração de aerossol marinho não apenas afeta a composição da atmosfera, mas também desempenha um papel essencial no ciclo dos elementos biológicos e químicos, influenciando o clima e os ecossistemas em diferentes partes do planeta. (Aller *et al.*, 2005; Cunliffe *et al.*, 2013; Liss; Duce, 1997) (Figura 2).

Os bioaerossóis podem ser definidos como materiais biológicos suspensos no ar, incluindo bactérias, fungos, vírus, pólen e seus derivados, como alérgenos, endotoxinas e micotoxinas (Yao *et al.*, 2018). Eles são uma classe integrante dos aerossóis. No entanto, sua diversidade e propriedades, assim como sua variabilidade de longo e curto prazos ainda são pouco entendidas. Estas partículas em suspensão estão relacionados desde questões de saúde humana e ambiental até desempenho notável no sistema climático: de forma direta ao serem capazes de dispersar e absorver a radiação solar ou indireta, através de um subconjunto de partículas atuar como catalisador na formação de nuvens com os núcleos de condensação de nuvens (CCN) ou partículas nucleadoras de gelo (INPs), influenciando, consequentemente, tamanho das gotículas, a cobertura e duração de nuvens e o albedo (Aller *et al.*, 2005; Alves, 2014; Cooley *et al.*, 1998; Georgakopoulos *et al.*, 2009; Alsante; Thornton; Brooks, 2021) (Figura 2).

Figura 2 - Geração de aerossóis e enriquecimento de material orgânico superficial na interface ar-mar por estouro de bolhas.



Fonte: Alsante; Thornton; Brooks (2021).

Historicamente, diferentes estudos têm como objeto diferentes grupos ou gêneros ou classes de organismos presentes nos microrganismos do AT, sua potencial influência no clima da região e também como esses seriam influenciados pelas variações climáticas (Hasset *et al.*, 2020; Biller *et al.*, 2018; Rama *et al.*, 2016; Ceter, 2018). Entretanto, ainda pouco se sabe sobre a abundância e diversidade dos microrganismos aerolizados a partir da dinâmica oceano-atmosfera sobre o Atlântico. Estudos trazem a associação entre esses microrganismos e os parâmetros climáticos verificando a maior influência de fatores meteorológicos sobre as comunidades bacterianas de bioaerossóis do que poluentes presentes no ar da China (Zhen *et al.*, 2017) ou ainda, a detecção de variação na concentração e distribuição de tamanho das massas de fungos presentes no ar do Oceano Pacífico oeste como resultado de mudanças em condições meteorológicas (Yu *et al.*, 2013).

Logo, sabe-se que diferentes parâmetros meteoceanográficos como a temperatura, precipitação, umidade relativa e velocidade do vento são capazes de afetar a distribuição e diversidade de microrganismos, incluindo esporos fúngicos (Burch, Levetin, 2002; Ceter, 2018). Apesar do aumento nos esforços com objetivo de entender essa relação entre os microrganismos e as condições climáticas, existe uma lacuna relevante de conhecimento e informações sobre a diversidade da aeromicrobiota ao longo AT e como essa seria afetada pelas variações dos parâmetros meteoceanográficos.

Assim, esse trabalho conta com a descrição geral da área de estudo, das ferramentas de análise, os resultados e a discussão são apresentados através de manuscritos submetidos a periódicos científicos, como principais conclusões e perspectivas (Apêndice A).

2 OBJETIVOS

O objetivo principal deste estudo é avaliar a influência de variáveis meteorológicas e oceanográficas na composição da microbiota dos bioaerossóis ao longo do oceano Atlântico Tropical e para isso foram estabelecidos dois objetivos específicos, são eles: (1) analisar a diversidade da microbiota cultivável presente em bioaerossóis ao longo do oceano Atlântico Tropical; (2) avaliar a possível influência de parâmetros meteoceanográficos na microbiota do oceano Atlântico Tropical.

A partir disso, espera-se que a integração de dados sobre a diversidade micobiológica ao longo do oceano Atlântico Tropical em conjunto com dados meteoceanográficos sejam capazes de produzir informações relevantes para compreensão da potencial capacidade de influência que as mudanças climáticas têm sobre a composição, distribuição e diversidade micobiológica.

3 ÁREA DE ESTUDO

Este estudo tem como foco uma porção do AT, compreendendo a região aproximada de 0°N a 20°N em latitude e de 40°W a 35°W em longitude (Figura 3). O objetivo aqui é apresentar a área de estudo levando em consideração as principais variáveis meteoceanográficas e como essas influenciam na presença e diversidade microbiológica ao longo do AT.

De acordo com Liss e Duce (1997), as correntes oceânicas, por causarem um transporte e circulação das parcelas de água, podem alterar a espessura da microcamada superficial oceânica como também a composição da microbiota desta camada e, por consequência, dos bioaerossóis resultantes da camada. Logo, as correntes superficiais oceânicas desempenham um papel relevante na composição da comunidade fúngica da área de estudo.

Outro importante ponto ao longo do AT são as áreas significativas de ressurgência, são elas: a ressurgência costeira Senegal-Mauritânia, norte do Golfo da Guiné, a ressurgência costeira de Benguela e a divergência equatorial. Tendo em vista que a ressurgência é a subida de águas provenientes de camadas mais inferiores, frias e ricas em nutrientes para a superfície, é possível que a partir delas, haja mudanças nas condições ambientais que interfiram no crescimento e composição micobiológica (Rocke *et al.*, 2020)

A dispersão do material da interface oceano-atmosfera pelo vento, em combinação com gradientes de tensão superficial, representa um mecanismo único que garante o transporte microbiológico. Adicionalmente, mudanças nas forçantes físicas como a velocidade do vento e circulação da água através das correntes superficiais afetam a composição e o arranjo molecular dos biofilmes da microcamada superficial oceânica e, por consequência, a composição dos bioaerossóis (Alves, 2014; Liss; Duce, 1997).

O aquecimento solar sobre a superfície da Terra ocorre de forma desigual, gerando diferenças de temperatura no ar e causando as células de vento, sendo a base para toda a circulação atmosférica terrestre (Garrison, 2010) . A temperatura do ar, assim como da superfície da água, apresentam variabilidades significativas, altos valores desses parâmetros podem ser associados ao surgimento e intensificação de ciclones tropicais que causam um aprofundamento da camada de mistura. A temperatura e a umidade do ar são fortes parâmetros de influência na microcamada superficial oceânica, que afeta a viabilidade dos bioaerossóis (Liss; Duce, 1997; Zhen, *et al.*, 2017).

De forma geral, altas temperaturas, alta radiação solar e baixas concentrações de umidade do ar favorecem o transporte de bioaerossóis, devido o vapor d'água atmosféricos,

absorvido pelas partículas, favorecer seu aumento de peso e consequentemente sua deposição gravitacional (Qi *et al.*, 2014; Zhen, *et al.*, 2017). Logo, altos valores de umidade do ar, que são característicos de porções próximas ao início da coluna d'água, são associados a maior deposição gravitacional de partículas e, por consequência, de bioaerossóis. A temperatura está entre as principais variantes físico-químicas ambientais que afetam o crescimento e sobrevivência microbológica, visto que os microrganismos têm diferentes temperaturas de crescimento ótimo (Madigan *et al.*, 2010).

Relacionado às variações de temperatura do ar e da superfície da água do mar, há as mudanças de valores de pressão atmosférica. O aumento da pressão, por refletir o aumento da quantidade de ar frio, que isoladamente, pode facilitar uma liberação e o transporte de microrganismos, o que pode levar a uma alta abundância na atmosfera (Zhen *et al.*, 2017). Além disso, a pressão atmosférica está relacionada à concentração de oxigênio que é um dos principais parâmetros ambientais de controle de crescimento e sobrevivência de microrganismos (Ceter, 2018; Madigan *et al.*, 2010).

Figura 3 - Área de estudo, ao longo do Atlântico tropical. Esta imagem mostra a espinha dorsal das bóias meteoceanográficas do projeto PIRATA que são lideradas pelo Brasil e que correspondem aos pontos em que foram realizadas as coletas do estudo.



Fonte: O Autor (2023).

4 METODOLOGIA

Na área de estudo estão localizadas as bóias meteoceanográficas do Projeto “*Prediction and Research Moored Array in the Tropical Atlantic*” (PIRATA), onde foram realizadas as coletas microbiológicas durante os anos de 2017 e 2022 (Tabela 1) que fornecem dados a ser utilizados neste trabalho.

Tabela 1 – Coordenadas dos pontos de coleta realizados na área de estudo realizados entre os anos de 2017 e 2022.

Pontos	Coordenadas		Datas das Coletas
	Latitude	Longitude	
P1	15°N	38°W	23/11/2017
			17/06/2022
P2	12°N	38°W	25/11/2017
			19/06/2022
P3	8°N	38°W	27/11/2017
			21/06/2022
P4	4°N	38°W	30/11/2017
			23/06/2022
P5	0°	35°W	02/12/2017
			25/06/2022

Fonte: O Autor (2023).

4.1 COLETA DE DADOS

A amostragem da microbiota cultivável presente em bioaerossóis ocorreu a partir da técnica de sedimentação espontânea em placas, esta é realizada a partir da exposição de placas de Petri (Figura 4) previamente esterilizadas, por 30 minutos, para a deposição das partículas e microrganismos presentes no ar ao longo da superfície do meio de cultura (Pasquarella; Pitzurra; Savino, 2000; Pasquarella *et al.*, 2007).

O meio de cultura usado nas placas da coleta foi o Ágar Dextrose Batata (ADB), um meio seletivo para o crescimento fúngico. O meio de cultura foi preparado de acordo com as recomendações do fabricante com adição de 10µg/ml de Ampicilina, para a inibição do crescimento bacteriano (Sidrin; Rocha, 2012). As amostras coletadas foram armazenadas em condições estéreis até o retorno ao continente e o processamento em laboratório.

Figura 4 - Placas de Petri utilizadas para a deposição espontânea da microbiota presente no ar da área de estudo.



Fonte: O Autor (2023).

4.2 PROCESSAMENTO DAS AMOSTRAS

As amostras coletadas foram processadas no Laboratório de Microbiologia Ambiental e do Pescado (LAMAP) no Instituto de Ciências do Mar (LABOMAR) da Universidade Federal do Ceará (UFC).

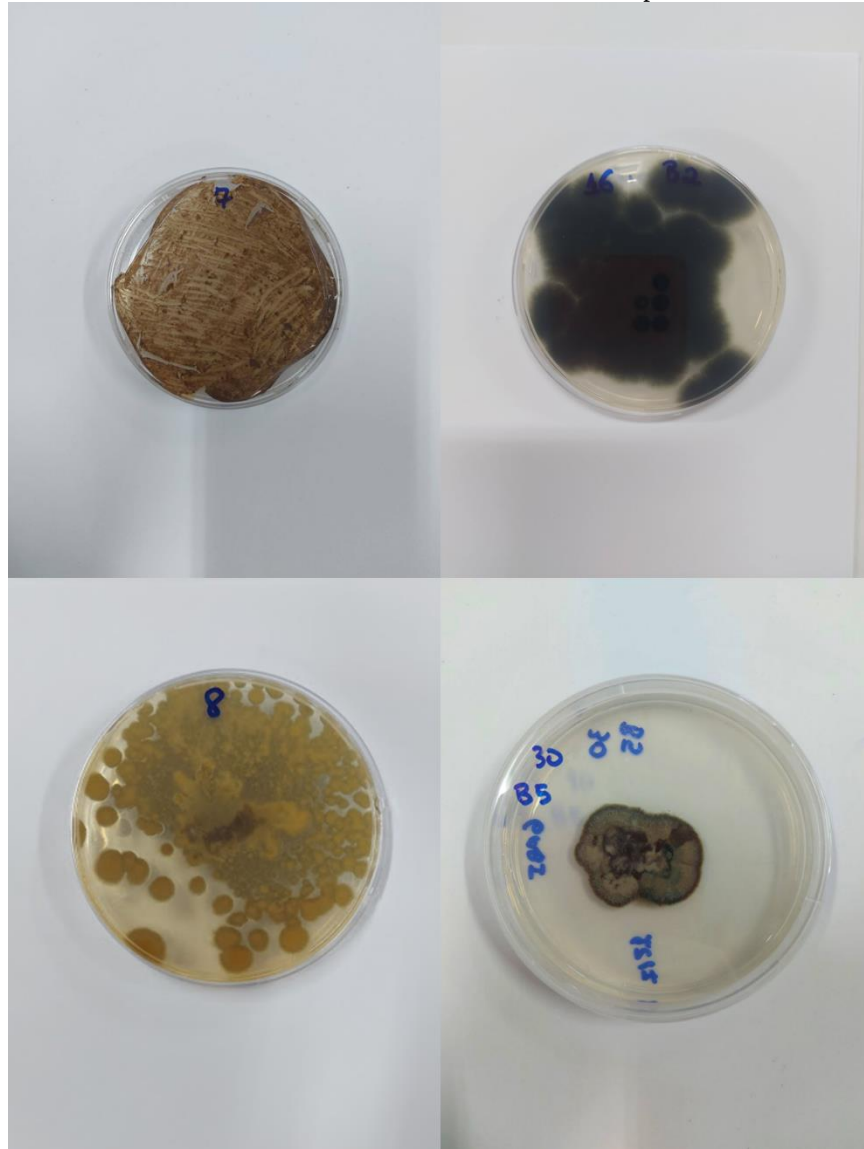
O processamento ocorreu após o armazenamento das amostras que foram inicialmente hidratadas com salinas de concentração de 1% de NaCl e diluídas serialmente em diferentes concentrações (10^{-1} à 10^{-4}) e a partir da técnica do Pour Plate (semeadura em profundidade)

foram dispostas em alíquotas de 1mL em placas de Petri para a deposição posterior do meio de cultura, homogeneizadas e incubadas em estufa de crescimento. As placas foram incubadas por 7 dias a 28° C e o meio de cultura utilizado no processamento foi o Ágar Dextrose Batata (Madigan *et al.*, 2010).

4.3 ISOLAMENTO E IDENTIFICAÇÃO DAS ESTIRPES FÚNGICAS.

A identificação das estirpes fúngicas cultiváveis, ocorreu com a utilização de inóculos puros em placas contendo meio Ágar Dextrose Batata incubados por 5 a 7 dias em estufa de crescimento à 28° C (Figura 5). Após o isolamento dos inóculos, cada colônia em que se obteve sucesso no crescimento isolado do microrganismo por placa de petri, foi passado para etapa de identificação genômica, esta é composta pela extração, reação em cadeia de polimerase (PCR) e sequenciamento do fragmento de DNA.

Figura 5 – Imagem do crescimento de colônias fúngicas em meio de cultura ADB a partir das amostras de bioaerossóis coletadas no oceano Atlântico Tropical



Fonte: O Autor (2023).

4.4 EXTRAÇÃO DE DNA

A extração genômica para identificação completa das estirpes fúngicas, foi realizada segundo a metodologia descrita em Aamir (2015) com adaptações. O material é colocado para crescimento individual em condições térmicas de 28 °C por 5 a 7 dias, então o micélio é raspado da superfície do ágar, colocado em um microtubo de 2mL e congelado em nitrogênio líquido para então ser triturado com o auxílio de um bastão de vidro. Após a maceração é adicionado a solução tampão de lise. O microtubo é incubado por 1 hora a 40 °C em banho-maria e então centrifugado a 13000 rpm por 10 minutos. Após a separação durante a

centrifugação, o sobrenadante é transferido para novos microtubos. Nesses, se adiciona 3 µL de RNase e se retorna para a incubação em banho-maria, a 37 °C por 15 minutos. Então, por duas vezes se adiciona clorofórmio álcool isoamílico (CIA) na proporção de 24:1, é feita a homogeneização e centrifugação do material a 13000 rpm por 10 minutos e então a transferência do sobrenadante para novos microtubos. É adicionado etanol 100%, para a precipitação do material genômico, e incubação a -20 °C por aproximadamente 1 hora. Após o resfriamento da amostra, ocorre outra centrifugação a 13000 rpm por 10 minutos, onde, agora, descartar-se o sobrenadante para manter apenas o pellet formado, neste se faz a adição de etanol 70% e uma última centrifugação a 12000 rpm por 5 minutos. Por fim os tubos são colocados para secagem e então o pellet de DNA já extraído é ressuspendido em 50µL de água ultra pura e encaminhado para a quantificação do DNA por eletroforese em gel de agarose (Figura 6).

Figura 6 – Exemplo de resultado de procedimento de PCR, onde parte das amostras apresentaram amplificação da parte do DNA desejada, ou seja, geraram *amplicons* considerados de qualidade suficientes para o sequenciamento. As amostras numeradas com fundo branco foram coletadas no ano de 2017 e as numeradas com fundo preto foram coletadas no ano de 2022. As amostras não numeradas foram as que não foi possível realizar a amplificação do DNA.



Fonte: O Autor (2023).

4.5 REAÇÃO EM CADEIA DE POLIMERASE (PCR)

A PCR para obtenção dos *amplicons* foi realizada utilizando Platinum PCR supermix que consistia em uma solução de reagentes previamente misturados proporcionalmente. Os *primers* utilizados foram o ITS-1 (5' – TCCGTAGGTGAACCTGCGG–3') e ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'). O mix da reação foi preparado para um volume final de 12,5 µL em que a composição e as condições de termociclagem foram descritas na tabela 2 (Tabela 2). As amplificações foram realizadas em termociclador AmpliTherm modelo TX96.

Tabela 2 – Composição do Mix de reagentes e das condições utilizadas na amplificação do DNA de cada amostra.

Composição do mix		Condições da Termociclagem	
Reagente	Volume		
Supermix	10,5 µL	Desnaturação	94 °C – 5 min.
ITS-1	0,5 µL	Desnaturação/ anelamento	35 ciclos de: 94 °C - 30 s; 52 °C – 30 s; 72 °C – 1 min.
ITS-4	0,5 µL	Extensão final	72 °C – 5 min.
DNA	1,0 µL		

Fonte: O Autor (2023).

4.6 SEQUENCIAMENTO DE DNA

Os *amplicons* obtidos foram enviados ao Núcleo de Plataformas Tecnológicas (NPT) do Instituto Aggeu Magalhães, da Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz – Pernambuco), para a realização dos sequenciamentos, utilizando sequenciador automático 3500xL Genetic Analyzer for Human Identification (Applied Biosystems), tendo como princípio o método descrito por Sanger, Nicklen e Coulson (1977). As sequências obtidas foram analisadas no programa BLAST (ALTSCHUN *et al.*, 1997) e comparadas as sequências da base de dados GenBank do National Center for Biotechnology Information (NCBI).

4.7 PARÂMETROS METEOCEANOGRÁFICOS

Os parâmetros meteoceanográficos de temperatura do ar, velocidade do vento, umidade relativa e pressão atmosférica foram obtidos *in situ* através dos equipamentos dos navios utilizados durante os embarques de coleta. Durante as expedições não foram realizadas estações de CTD, por isso, buscando complementar os dados abióticos, foi incluído dados de TSM (temperatura da superfície do mar) provenientes de bases de dados online de satélites. Foram analisados 20 anos de TSM mensal e ventos de superfície (10m), de janeiro de 2003 a dezembro de 2022. Os dados TSM têm 9Km de resolução espacial e estão disponíveis no produto MODIS Aqua Level 3, derivado do sensor MODIS da NASA a bordo do satélite Aqua (<http://apdrc.soest.hawaii.edu/>). A base de dados dos ventos de superfície é da ERA5,

com 0,25 graus de resolução. ERA5 é a reanálise ECMWF de quinta geração para o clima global e tempo nas últimas 8 décadas.

4.8 TESTES ESTATÍSTICOS

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o software Rstudio, que utiliza a linguagem de programação estatística R, (version 4.2.3, The R Foundation, Vienna, Austria) foram utilizados readxl, RVAideMemoire, car e os pacotes do tidyverse. Inicialmente foi feito o teste de Shapiro-Wilk para verificar a possível normalidade dos dados meteoceanográficos. Visto que os esses dados não apresentavam distribuição normal e devido ao tamanho amostral optou-se pela realização de testes não paramétricos. Foi feito também o teste de Levene para homogeneidade de variâncias das medianas para grupos 2017 e 2022. O Teste de Mann-Whitney foi realizado para dois grupos independentes das variáveis meteoceanográficas entre os anos de 2017 e 2022. O teste de Kruskal-Wallis (ANOVA de uma via para dados não paramétricos) com o valor do qui-quadrado para grupos 2017 e 2022.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados e discussão do trabalho foram compilados e organizados de acordo com o mostrado a seguir, dividindo em categorias de acordo com os fatores bióticos (organismos fúngicos) e abióticos (parâmetros meteoceanográficos).

5.1 FUNGOS

Dos materiais fúngicos, foram obtidos 19 isolados, estes apresentaram resultados suficientes para o prosseguimento de toda a metodologia. Assim, 19 estirpes fúngicas as quais o material genético (DNA) foi extraído encaminhado para PCR e, por fim, seus *amplicons* foram sequenciados (Tabela 3).

Tabela 3 - Resultados de riqueza micobiológica de acordo com cada ponto de coleta.

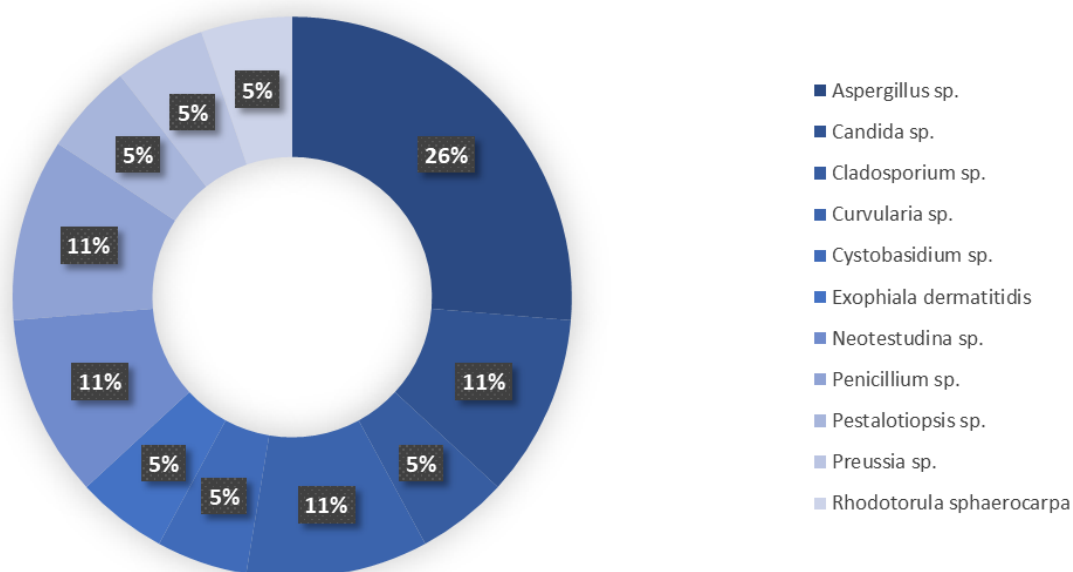
Ponto de Coleta	Código Amostra	Identificação	Similaridade	Acesso (GenBank)
P1	1	<i>Aspergillus</i> sp.	95%	MN788648.1
P1	12	<i>Neotestudina</i> sp.	97%	OW983104.1
P2	06.1	<i>Rhodotorula sphaerocarpa</i>	86%	MT355634.1
P2	7	<i>Aspergillus</i> sp.	89%	MK725871.1
P2	5	<i>Preussia</i> sp.	95%	KC013967.1
P2	7	<i>Cladosporium</i> sp.	84%	KX788174.1
P2	16	<i>Curvularia</i> sp.	86%	MN215656.1
P2	23	<i>Penicillium</i> sp.	82%	MN634532.1
P2	06.2	<i>Neotestudina</i> sp.	92%	OW983104.1
P3	8	<i>Penicillium citrinum</i>	87%	OP163524.1
P3	9	<i>Aspergillus</i> sp.	93%	KY203991.1

P3	11	<i>Candida</i> sp.	95%	KY911171.1
P3	14	<i>Aspergillus</i> sp.	92%	MN700120.1
P3	15	<i>Aspergillus japonicus</i>	83%	GQ359413.1
P3	16	<i>Curvularia</i> sp.	73%	MN540246.1
P3	18	<i>Pestalotiopsis</i> sp.	81%	ON681710.1
P4	26	<i>Cystobasidium</i> sp.	87%	LC424143.1
P5	29	<i>Candida</i> sp.	88%	KP131656.1
P5	30	<i>Exophiala dermatitidis</i>	86%	MN410630.1

Fonte: O Autor (2023).

Dos microrganismos identificados, foram encontrados 13 grupos de identificações genéticas diferentes, entre as quais 4 foram ao nível de espécie. O gênero *Aspergillus* sp. foi o mais representado (26%), seguido por *Candida* sp. (11%) e *Curvularia* sp. (11%) e o restante dos representantes *Cladosporium* sp. (5%), *Cystobasidium* sp. (5%), *Exophiala dermatitidis* (5%), *Neotestudina* sp. (5%), *Penicillium* sp. (5%), *Pestalotiopsis* sp. (5%), *Preussia* sp. (5%) e *Rhodotorula sphaerocarpa* (5%) (Figura 7).

Figura 7 - Porcentagem de identificações fúngicas encontradas nas coletas microbiológicas dos anos de 2017 e 2022 divididas por gênero.



Fonte: O Autor (2023).

O gênero *Aspergillus* é facilmente encontrado em ambientes marinhos, sendo registrado sua presença desde pesquisas pioneiras até as mais atuais (Yang *et al.*, 2021; Michalska *et al.*, 2021). Um ponto de grande relevância na predominância desse gênero nos resultados encontrados é a capacidade de esporulação e sua associação direta com as concentrações de dióxido de carbono atmosférico, que vem aumentando historicamente e que aumenta a esporulação dos organismos e consequentemente, sua presença no ambiente (Ceter, 2018; Xu, Ramanathan, Victor, 2018).

O gênero *Cladosporium* sp. é historicamente encontrado com facilidade em massas de ar oceânicas e ambientes marinhos, sobretudo em sedimentos de mangue (Yang *et al.*, 2021). A presença deste possivelmente se deve a tendência dos esporos prosperarem em ambientes de clima quente e com marcantes correntes de ar, parâmetros meteorológicos que condizem com a climatologia da área de estudo, além disso, seus esporos são afetados principalmente por variações de temperatura média e pressão (Ceter, 2018; Olsen *et al.*, 2019; Grinn-Gofroñ, 2019).

Organismos fúngicos dos gêneros de *Cladosporium* e *Aspergillus* já foram encontrados anteriormente em amostras de bioaerossóis da Antártida (Pearce *et al.*, 2009), e ainda em simbiose com animais na Antártica como espécies de esponjas (Godinho *et al.*, 2019).

evidenciando, entretanto, a falta de estudos atuais sobre o tema ao longo da área, e ainda possíveis relações de dispersão microbiológica.

Candida sp. é um gênero fúngico patogênico e em que algumas espécies são consideradas patógenos multirresistentes (Dadar *et al.*, 2018). Já foram encontrados no ambiente marinho formando associação com esponjas (Kaewkrajay, Putchakarn, Limtong, 2021) após a descarga de efluentes no local (Michalska *et al.*, 2021) abrindo à possibilidade da interferência humana no microbioma aéreo da área de estudo.

Curvularia sp. é considerado um gênero de distribuição mundial e algumas espécies já foram encontradas em ambientes aquáticos e no ar (Manamgoda *et al.*, 2015; Verma *et al.*, 2013), entretanto é amplamente conhecido por ser um fungo patógeno entre diferentes espécies de animais e vegetais, inclusive humanos. Vale destacar que esse gênero, além de cosmopolita, tem sido descrito através da descoberta recente de novas espécies (Marin-Felix, Hernández-Restrepo, Crous, 2020) podendo futuramente tornar-se um risco tendo em vista a sua capacidade patogênica e a sua identificação na área de estudo.

As leveduras do gênero *Cystobasidium* sp. foram encontradas recentemente em associação com animais marinhos como esponjas (Kaewkrajay, Putchakarn, Limtong, 2021) e também coladas na superfície de placas de isolamento térmico presentes em ambientes marinhos (Parracha *et al.*, 2022), ou seja, essas leveduras estão presentes no ar marinho próximos, pelo menos, a região do Oceano Atlântico Norte e Pacífico Norte.

Exophiala dermatitidis é uma espécie fúngica que está associado a infecções cutâneas e pulmonares. Os organismos desse gênero estão presentes em diferentes tipos de ambientes e apresentam uma capacidade de suportar condições extremas como grandes temperaturas ou salinidade e pH variável (Babič, 2018; Yazdanparast, 2017). Além disso, esse organismo é frequentemente encontrado em regiões tropicais, condições naturais que condizem com a área de estudo, justificando sua ocorrência e trazendo a problemática de organismos patógenos se sobreporem em relação aos outros devido a mudanças nas condições climáticas como o aumento da temperatura (Jayaram, Nagao, 2020).

Até onde sabe-se na publicação deste estudo, é a primeira vez que se encontra *Neotestudina* sp. em ambiente marinho, sobretudo no ar da região de estudo. Tendo em vista que esse gênero pode ser isolado de solos de regiões tropicais, sugere-se que seu transporte de região terrestre até os aerossóis marinhos se deve a partir da influência humana na área de estudo, provavelmente através do fluxo marítimo de embarcações, modificando a microbiota do local (Ezekiel *et al.*, 2020).

Penicillium sp. é um gênero amplamente estudado na literatura e, por consequência, já isolado por diversas vezes do ambiente marinho, como exemplo recente, ele foi encontrado na água do mar, macroalgas e troncos resultando em 16 espécies diferentes de *Penicillium* sp. isoladas além da descrição de uma nova espécie (Gonçalves *et al.*, 2019). Esse gênero também foi encontrado em várias regiões urbanas e litorâneas e sendo considerado poluente nos aerossóis da região, o que pode levar a indicar com sua presença na área de estudo que a qualidade do ar necessita ser melhor avaliada (Stanley; Ames, 2021)

Quanto ao gênero *Pestalotiopsis* sp. sabe-se como este está presente em ambientes de mangue e atualmente se mostra como uma ferramenta em avanço para pesquisas de biotecnologia visto que fungos endofíticos são recursos prolíficos para metabólitos secundários bioativos e, por consequência a sua complexidade estrutural esse gênero tem se mostrado eficiente (Xu *et al.*, 2019; Zhou, Zheng, Xu, 2021). Com isso, diversos estudos trazem a pesquisa e identificação de novas espécies desse gênero, o que fomenta a possibilidade de utilização desse isolado para futuros testes biotecnológicos (Wu, Wang, Yang, 2022).

Preussia sp., assim como outros gêneros encontrados, é utilizado na biotecnologia tanto devido a seus efeitos anti inflamatórios como na incrementação do crescimento de produtos agrícolas (Khadija *et al.*, 2018; Youn *et al.*, 2018). Logo, assim como *Pestalotiopsis* sp., resulta em uma nova possibilidade de obtenção de produtos biotecnológicos.

Rhodotorula sphaerocarpa é uma espécie de um gênero fúngico marcado por ser associado a patógenos humanos e está presente no ambiente facilmente. Estudos indicam que essa espécie aumenta sua respiração em ambientes que apresentem maiores valores de temperatura e ainda que sua reprodução seja dependente dessa variável ambiental (Heitger, M.; Baltar, F, 2023). Além disso, autores indicam que espécies desse gênero, derivadas de amostras de água marinha, possam apresentar atividade biotecnológica como antioxidantes e bioconversor de resíduos marinhos, possibilitando mais uma vez a utilização de isolados obtidos como possíveis produtos biotecnológicos (Anwesha *et al.*, 2020; Miranda *et al.*, 2020).

Quando se trás em possíveis associações os diferentes gêneros encontrados, mas em mesma amostragem, sabe-se que *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Penicillium*, *Exophiala* e *Cystobasidium* estão presentes em sedimentos marinhos da Antártica (Vala; Kumar, 2022). Assim como espécies de *Penicillium*, *Cladosporium* sp e *Aspergillus* foram isoladas a partir de esponjas marinhas também na península Antártica (Godinho *et al.*, 2019). Já *Aspergillus* e *Candida* foram isolados de pinguins e pinípedes Antárticos (Devoto *et al.*, 2022). Em algas

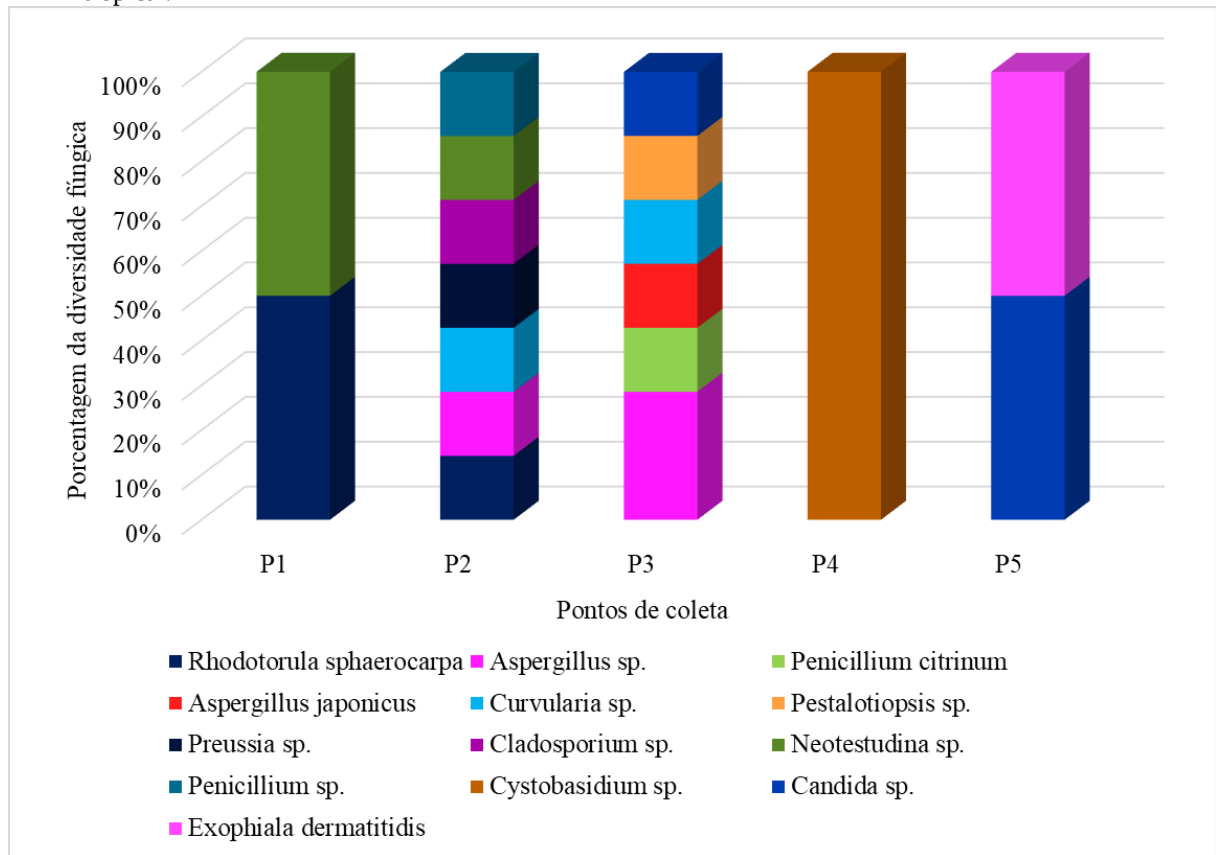
marinhas coletadas na Malásia foi possível identificar como fungos endofíticos *Aspergillus* e possivelmente *Exophiala dermatitidis* (Latif *et al.*, 2022). Quanto a considerar a presença e concentração desses organismos como poluentes, na Nigéria, foi encontrado no ar três dos gêneros presentes nos resultados deste estudo, são eles *Aspergillus*, *Candida* e *Penicillium* (Stanley, Amesi, 2021). Logo, é possível que haja um tipo de ligação de coexistência entre algumas das espécies encontradas na área de estudo.

Quando comparamos o número de identificações que foram encontradas em cada ano de coleta, sabendo que em 2017 tivemos 9 isolados e em 2022 10 isolados, nas duas amostragens tivemos resultados similares tendo em vista que em 2017 foram obtidos 9 identificações genéticas divergentes e em 2022 foram obtidos 7 identificações genéticas divergentes. Além disso, dos 6 gêneros distintos encontrados no ano de 2017, 4 deles também foram encontrados na amostragem de quase 5 anos de diferença, são eles os gêneros *Aspergillus* sp., *Curvularia* sp., *Candida* sp. e *Penicillium* sp. Esses resultados indicam que pelo menos parte significativa dos organismos cultiváveis encontrados na área de estudo são transportados de alguma fonte até o local ou estão presentes como parte do ecossistema da área, visto a identificação destes de forma simultânea em outras regiões (Godinho *et al.*, 2019; Stanley, Amesi, 2021; Devoto *et al.*, 2022; Latif *et al.*, 2022; Vala; Kumar, 2022).

Em relação aos resultados microbiológicos de acordo com cada ponto de coleta, em 2017 o ponto que obteve maior diversidade fúngica foi o ponto 3 que contou com 6 identificações distintas: *Penicillium citrinum*, *Candida* sp., *Aspergillus* sp., *Aspergillus japonicus*, *Curvularia* sp. e *Pestalotiopsis* sp. Em seguida o ponto 2 contou com 3 identificações *Rhodotorula sphaerocarpa*, *Aspergillus* sp. e *Penicillium citrinum*. Não foi possível identificar geneticamente organismos dos outros pontos de coleta.

No ano de 2022, em que conseguiu-se identificar geneticamente organismos de todos os pontos de coleta, com exceção apenas do ponto 3, o ponto que onde se obteve a maior diversidade fúngica foi o ponto 2 que apresentou 5 identificações distintas: *Preussia* sp., *Cladosporium* sp., *Curvularia* sp., *Penicillium* sp. e *Neotestudina* sp. Seguido pelos pontos 1 e 5 que obtiveram 2 diferentes tipos de identificação genética fúngica: *Aspergillus* sp. e *Neotestudina* sp.; *Candida* sp. e *Exophiala dermatitidis* respectivamente. Por fim, no ponto 4 de coleta identificamos um único organismo fúngico que geneticamente correspondeu *Cystobasidium* sp (Figura 8).

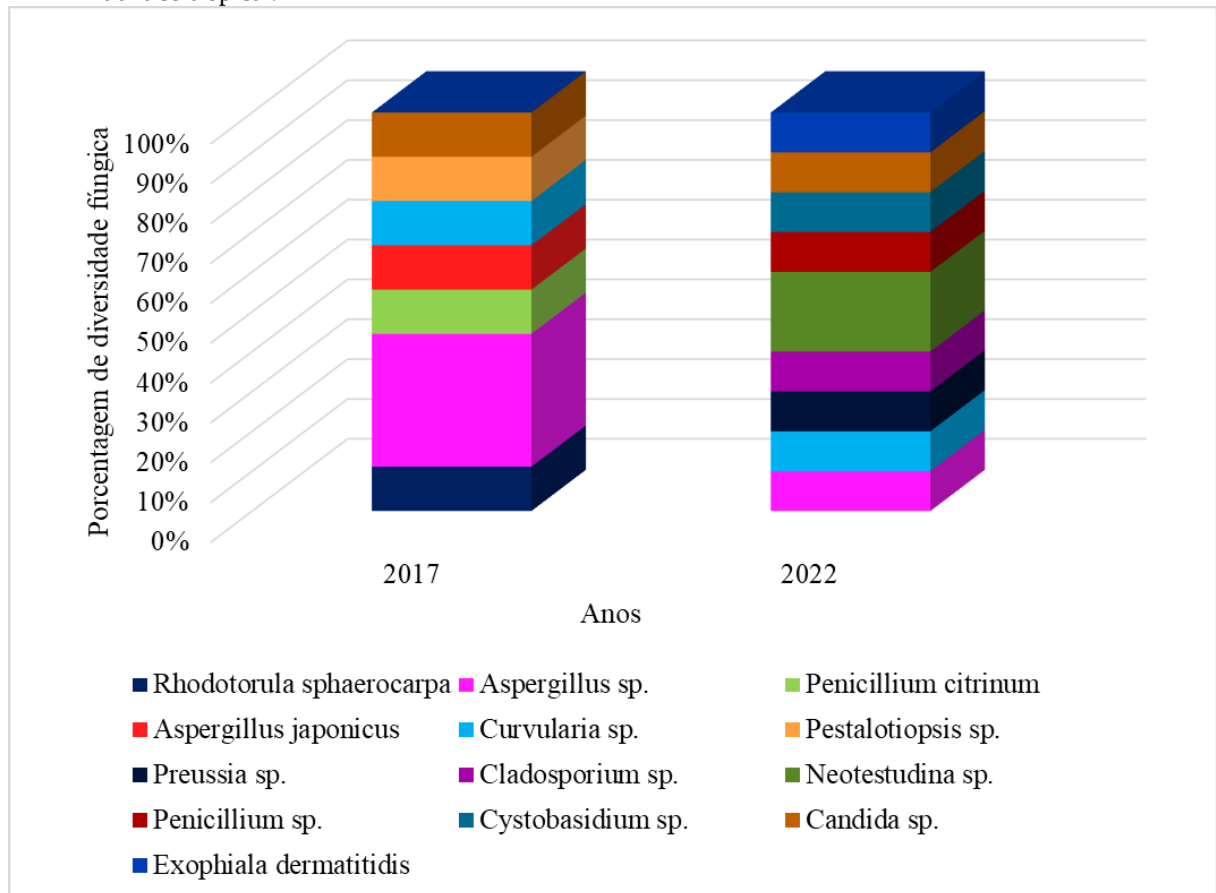
Figura 8 - Porcentagem de gêneros identificados de acordo com cada ponto de coleta no oceano Atlântico tropical.



Fonte: O Autor (2023).

Quando comparamos a diversidade microbiológica de acordo com os anos isolados, temos um aumento no número de identificações realizadas. Em 2017 obtivemos 7 grupos distintos de microrganismos isolados e identificados, enquanto no ano de 2022, foram obtidos 2 grupos a mais, ou seja, 9 grupos distintos de microrganismos (Figura 9). Além disso, apesar da sobreposição de parte dos grupos encontrados, alguns apresentaram ocorrência em apenas um dos anos de coleta. Os grupos de 2017 que não se sobrepuseram em 2022 foram: *Rhodotorula sphaerocarpa*, *Penicillium citrinum*, *Aspergillus japonicus* e *Pestalotiopsis* sp. Assim como os grupos que ocorreram em 2022 mas não foram encontrados na primeira coleta, foram: *Preussia* sp., *Cladosporium* sp., *Neotestudina* sp., *Penicillium* sp., *Cystobasidium* sp., *Candida* sp. e *Exophiala dermatitidis*.

Figura 9 - Porcentagem de gêneros identificados de acordo com os dois anos de coleta no oceano Atlântico tropical.



Fonte: O Autor (2023).

5.2 PARÂMETROS METEOCEANOGRÁFICOS E MICROORGANISMOS

Os resultados das variáveis meteoceanográficas obtidas durante as coletas e a partir de dados online de satélite foram compiladas no quadro abaixo (Quadro 1):

Quadro 1 - Parâmetros meteorológicos e oceanográficos dos momentos das coletas microbiológicas.

Variáveis	Estações de coleta 2017					Média 2017
	P1	P2	P3	P4	P5	
Temperatura do ar (°C)	28,4	26,4	35,5	25,7	26,5	28,5
Umidade Relativa (%)	63	74	49	82	78	69,2
Pressão Atmosférica (hPa)	1013	1012	1013	1009	1009	1010,9
Velocidade do vento (nós)	2,4	5,3	8,9	15,6	18	10,04

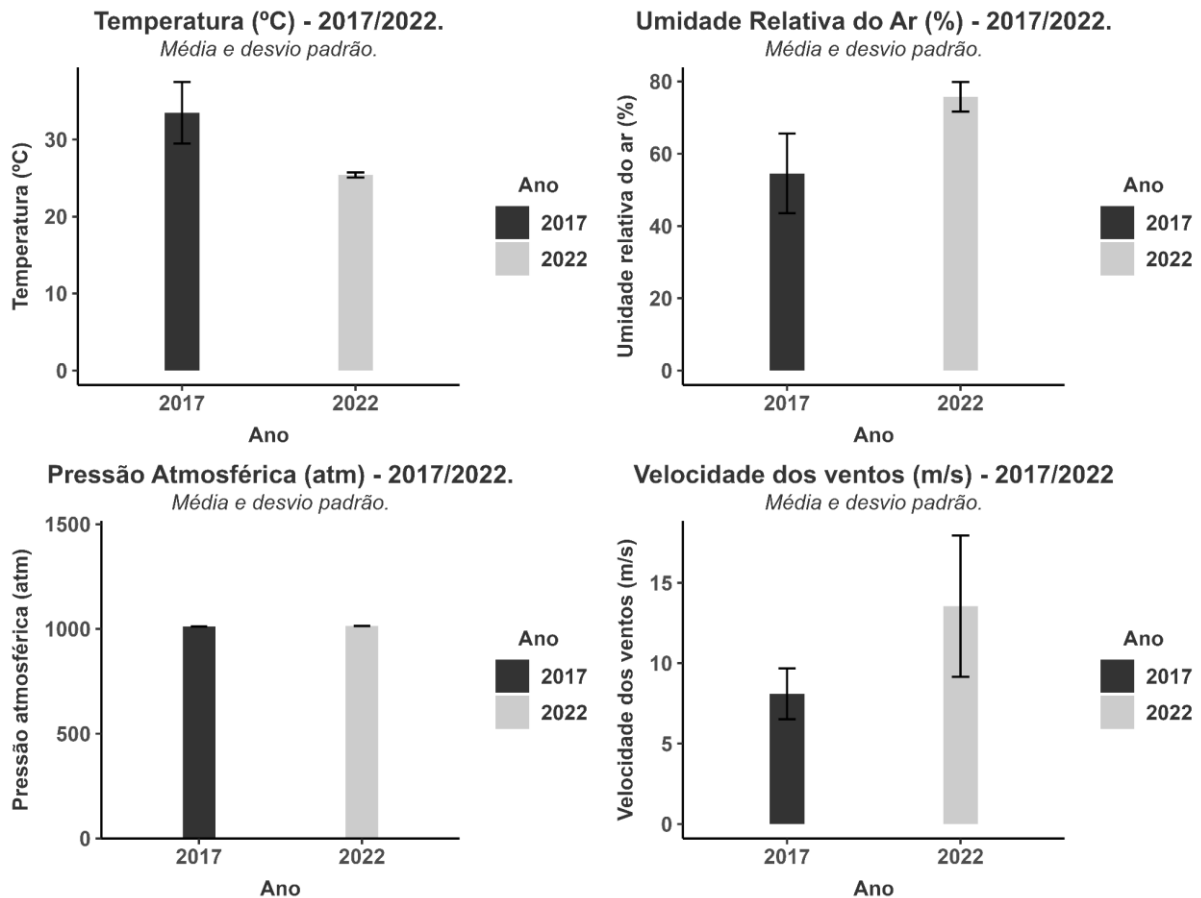
Temperatura da Superfície do mar (°C)	26,9	27,4	27,9	27,6	26,7	27,3
Variáveis	Estações de coleta 2022					Média 2022
	P1	P2	P3	P4	P5	
Temperatura do ar (°C)	25,2	25,5	25,1	26,1	25	25,3
Umidade Relativa (%)	69	76	85	78	81	77,8
Pressão Atmosférica (hPa)	1015	1015	1013	1012	1013	1013,4
Velocidade do vento (nós)	20	14	9	5,5	10	11,7
Temperatura da Superfície do mar (°C)	25,4	25,9	27,3	28,1	27,8	26,9

Fonte: O Autor (2023).

Analisando e comparando os dados meteoceanográficos encontrados é possível notar diferenças nos valores dos dois anos coletados ($p < 0,05$) (Figura 10). A média da temperatura de 2017 foi de 28,5 °C, enquanto que em 2022 foi de 25,3 °C. Inicialmente esperava-se que essa diferença pudesse representar uma possível diversidade microbiológica maior visto que, altas temperaturas geralmente estão associadas a reprodução de microrganismos, entretanto, a amostra que apresentou maior diversidade foi a de 2022 (9 identificações distintas) em que, apesar da média ser inferior, apresentou valores bem mais homogêneos ($dp = 0,44$), diferente da primeira amostra ($dp = 4,03$). Os valores de Umidade Relativa do Ar foram maiores e mais homogêneos nas coletas de 2022, entrando em concordância com os resultados de diversidade, visto que devido o vapor d'água atmosféricos ser absorvido pelas partículas, ocorre o favorecimento do aumento de peso e consequentemente a deposição gravitacional das partículas, fazendo com que, através da coleta de sedimentação espontânea, seja possível obter um maior número de isolados e, consequentemente, de diversidade fúngica (Qi *et al.*, 2014; Zhen, *et al.*, 2017).

A velocidade dos ventos no ano de 2022, apesar de mais heterogêneos, apresentou maiores valores de média, o que também concorda com a maior diversidade encontrada no ano de 2022 visto a importância que os ventos têm na formação de bioaerossóis, através do estouro das bolhas da microcamada superficial oceânica. Logo, maiores valores de velocidade dos ventos podem estar associados a geração de mais partículas de microrganismos presentes no ar e, por consequência, uma maior diversidade (ALVES, 2014; LISS; DUCE, 1997).

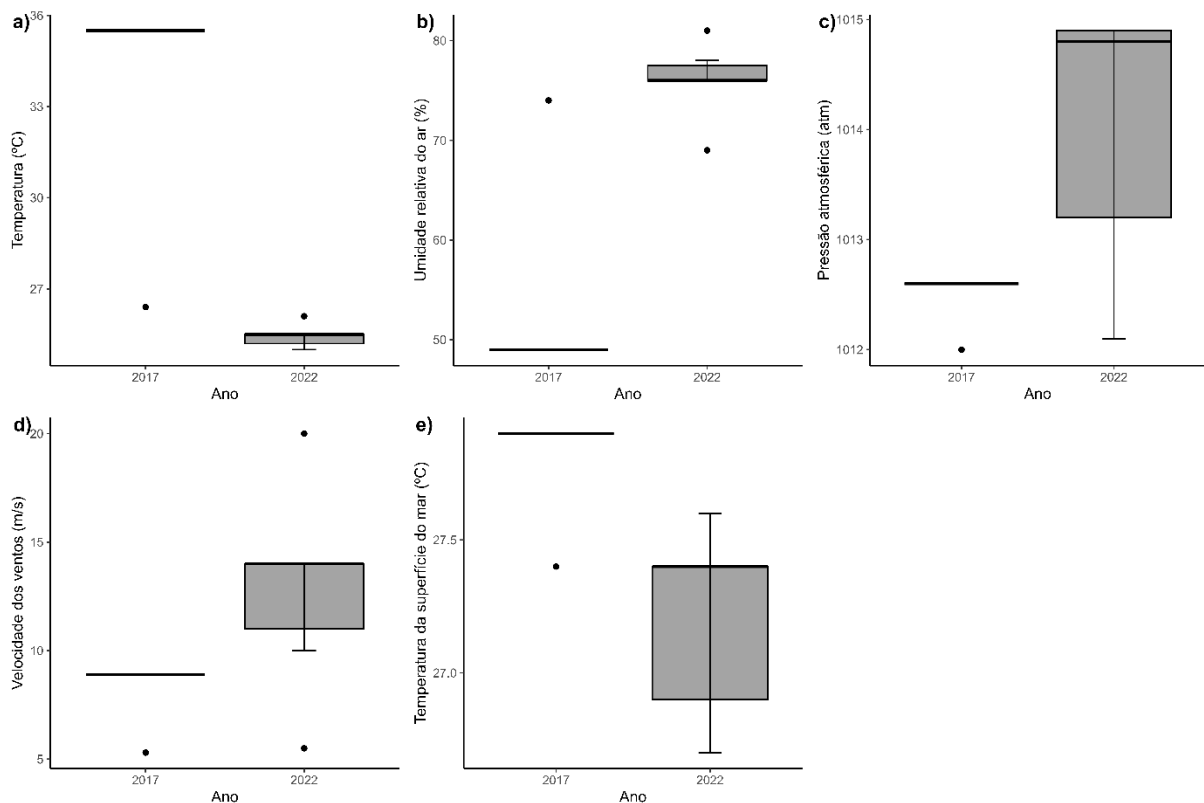
Figura 10 - Gráficos de média e desvio padrão dos dados meteoceanográficos comparando anualmente os dois anos de coleta (2017 e 2022).



Fonte: O Autor (2023).

Ainda assim, a distribuição dos dados, de forma geral, não apresentou grande variação, com exceção, no ano de 2022, da pressão atmosférica, que atingiu valores acima de 1014 hPa, e velocidade dos ventos, que chegou até a 20 nós (Figura 10 e 11). A temperatura do ar e a umidade relativa foram as duas variáveis em que se foi possível observar valores discrepantes. A umidade relativa do ar foi a única variável que apresentou assimetria negativa, ou seja, uma concentração dos dados na porção de valores mais elevados, o que corresponde com o esperado para a área de estudo, que é caracterizada por alta precipitação e, por consequência, altos valores de umidade relativa (Figura 11).

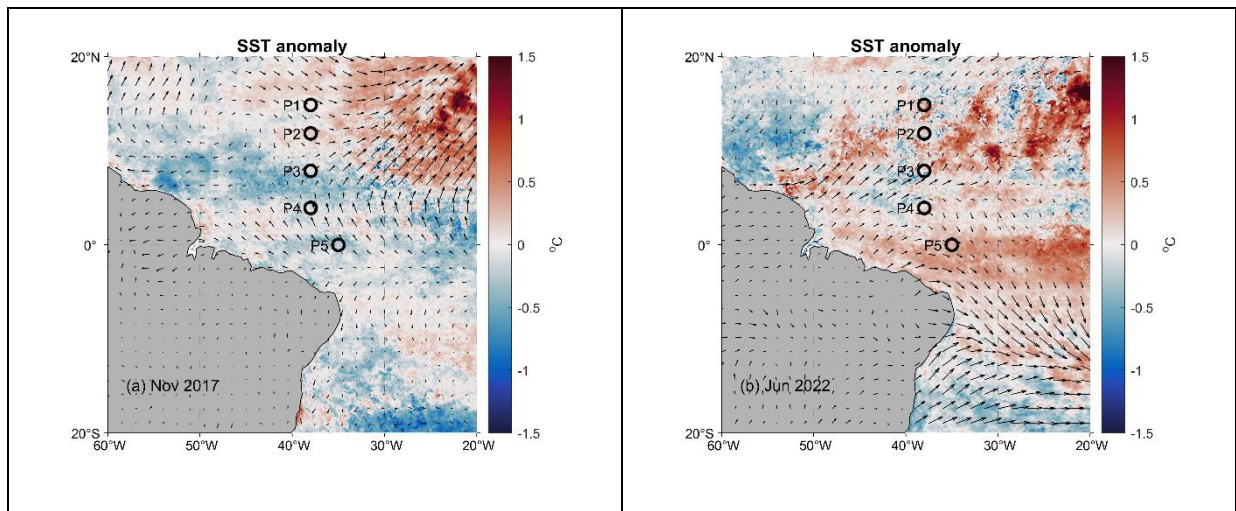
Figura 11 – Gráfico de boxplots ilustrando diferenças significativas entre os dados meteocceanográficos coletados em 2017 e 2022.



Fonte: O Autor (2023).

Ainda considerando os dados de forma anual, temos os valores de anomalias da temperatura da superfície do mar e da velocidade dos ventos para novembro de 2017 e junho de 2022 (Figura 12). Analisando os mapas é possível perceber que as anomalias indicam que em 2017 as temperaturas estavam um pouco abaixo da média (anomalias negativas fracas) e em 2022 a mesma região apresentava valores de temperatura acima da média (anomalia positivas mais fortes). Assim, a diversidade foi maior durante o período em que a temperatura da superfície do mar estava acima da média climatológica (Figura 9), ressaltando uma possível relação entre as duas variáveis.

Figura 12 - Anomalias de temperatura da superfície do mar e ventos em novembro de 2017 e junho de 2022. Os pontos de coleta (P1 – P5) estão representados por círculos.



Fonte: O Autor (2023).

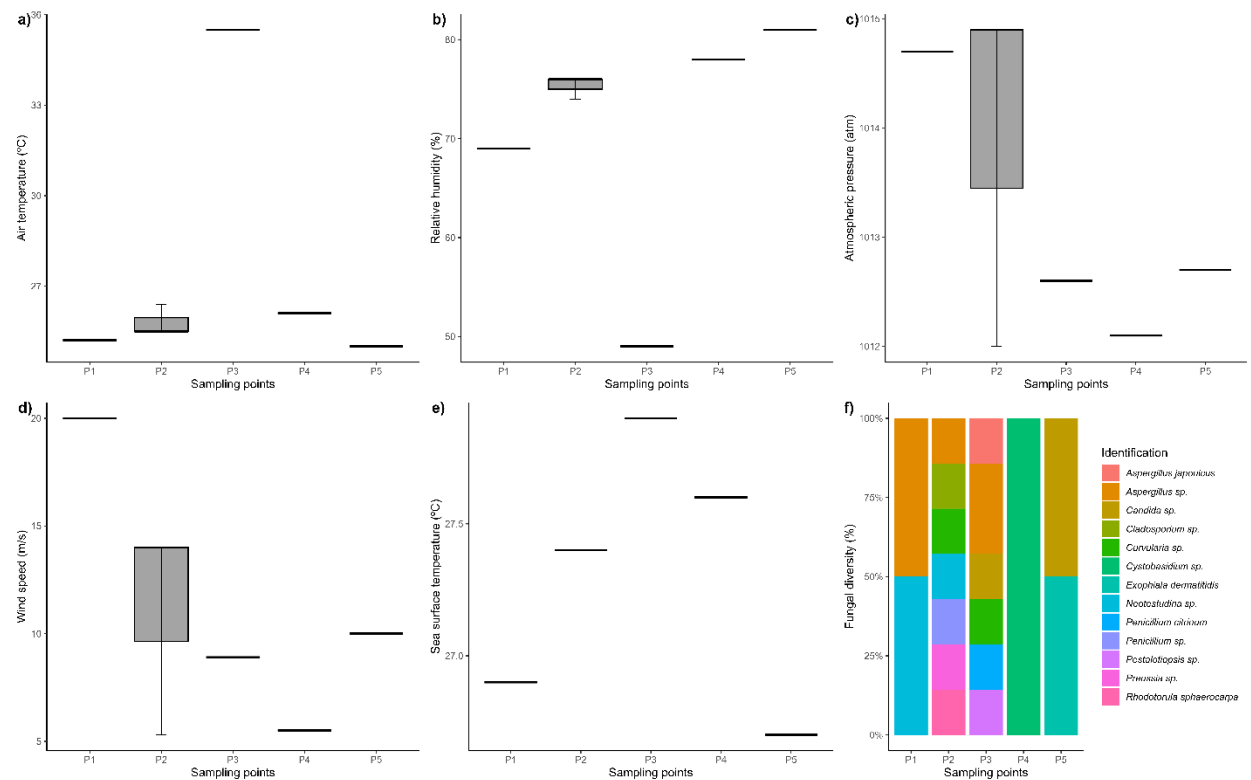
As coletas foram realizadas em períodos sazonais diferentes, no ano de 2017 correspondeu ao inverno no hemisfério norte, já a de 2022, correspondeu ao período de verão do hemisfério norte. Essa sazonalidade interfere na posição da ZCIT e, consequentemente, nas mudanças em larga escala dos ventos alísios (Stramma; Schott, 1999). O deslocamento meridional da ZCIT faz com que os alísios de sudeste predominem de junho a novembro, o que concorda com os resultados encontrados neste trabalho, visto o aumento da velocidade dos ventos no ano de 2022 em comparação com 2017, assim como relação inversa em relação a temperatura do ar (Lumpkin; Garzoli, 2005).

Quando agrupamos esses dados é possível inferir que, possivelmente, a temperatura da superfície do mar apresente uma maior influência na diversidade microbológica do que a temperatura do ar, visto os dados de diversidade e sua relação com os dados meteocanográficos.

Quando compara-se os dados meteocanográficos em relação a cada ponto de coleta, destaca-se o ponto de coleta 3 (P3) que obteve os valores de temperatura do ar e temperatura superficial do mar mais altos e os menores valores de umidade relativa (Figura 13). Essas características favorecem o transporte de bioaerossóis, correspondendo aos resultados de diversidade encontrados, tendo em vista que P3 foi o segundo ponto com maior diversidade microbológica encontrada. Dentre os pontos de coleta, o ponto 2 (P2) foi o que apresentou a maior distribuição de valores de velocidade dos ventos. Já quando avaliamos o ponto de coleta 4 (P4) temos a menor porcentagem de diversidade fúngica o que pode estar associado a esse ponto ter apresentado o menor valor de velocidade dos ventos que é uma fator

diretamente associado a composição dos bioaerossóis, além de baixos valores de velocidade de vento significarem o baixo transporte microbiológico no ar e, por consequência, a baixa deposição de partículas microbiológicas (Alves, 2014; Liss; Duce, 1997).

Figura 13 - Resultados de distribuição das variáveis meteorológicas e da diversidade fúngica nos dois anos de coleta de acordo com cada ponto de coleta.



Fonte: O Autor (2023).

Por fim, as diferenças na diversidade encontradas ao longo dos anos e entre os pontos possivelmente se dá devido a influência de variáveis abióticas e suas mudanças sazonais, concordando com diferentes trabalhos que relacionam a concentração e identificações de acordo com variações nos fatores climatológicos (Magyar, 2021, Ceter *et al.*, 2020, Ceter, 2018).

5 CONCLUSÃO

O presente estudo revelou uma diversidade de microrganismos presentes no ar de regiões oceânicas e uma possível relação entre abundância e riqueza de organismos encontrados e diferentes fatores abióticos.

Houve uma sobreposição em parte da diversidade encontrada nas duas amostras dos gêneros *Aspergillus* sp., *Curvularia* sp. e *Candida* sp., ao passo que também houveram grupos identificados em apenas uma das coletas, sugerindo uma possível variação microbiológica sazonal e/ou a alteração no microbioma do local devido a mudanças nas características climáticas, sobretudo anomalias de temperatura superficial do mar.

Assim, analisando qual o possível fator abiótico de maior influência sobre a microbiota do ar oceânico do Atlântico tropical, destaca-se que, o ano de coleta que apresentou menor diversidade microbiológica (2017), apresentou anomalias negativas de temperatura superficial do mar e velocidade dos ventos, ocorrendo o oposto em relação ao ano com maior diversidade (2022). Além disso, 2022 também apresentou maiores médias de velocidade do vento, podendo ser responsável pela maior formação de bioaerossóis no ar. Ainda, 2022 também teve os maiores valores de umidade relativa do ar, o que favorece uma maior diversidade presente na área para a metodologia de coleta utilizada. Logo, sugere-se que a temperatura superficial do ar e a velocidade dos ventos, fatores diretamente associados à formação de bioaerossóis, sejam as principais determinantes da microbiota.

Embora resultados significativos tenham sido gerados acerca dos microrganismos presentes na área de estudo e sua relação com fatores microbiológicos, pesquisas ainda são necessárias para aprofundar os conhecimentos acerca do tema, sobretudo destacando as mudanças climáticas globais que vem ocorrendo e como isso pode afetar organismos mais suscetíveis a impactos, destacando que, cada microrganismo pode ser impactado de uma maneira individual.

REFERÊNCIAS

AAMIR, S. *et al.*; A rapid and efficient method of fungal genomic DNA extraction, suitable for PCR based molecular methods. **Plant Pathology & Quarantine**. V.5 n.2 p.74–81. 2015.

AIMOLA, L.; MOURA, M. A. Influência da Circulação de Revolvimento Meridional do Atlântico na Definição da Posição Média da ZCIT ao Norte do Equador. **Revista Brasileira de Meteorologia**, v. 31, n. 4, p. 555-563, 2016.

ALLER, J.Y. *et al.*; The sea surface microlayer as a source of viral and bacterial enrichment in marine aerosols. **J. Aerosol Science** v.36, p. 801–812. 2005.

ALSANTE A., THORNTON D., BROOKS S. Ocean Aerobiology. **Frontiers in Microbiology**. V.12. 2021. doi:10.3389/fmicb.2021.764178.

ALVES, C.A. Química entre a microcamada superficial oceânica e os aerossóis marinhos. **Química Nova**. v. 37, n. 8, p. 1382-1400, 2014.

ARAGÃO, J. O. R. O impacto do ENSO e do dipolo do Atlântico no nordeste do Brasil. **Bulletin de l'Institut français d'études andines**, v. 27, n. 3, p. 839-844, 1998.

ARNAULT, S., KESTENARE, E. Tropical Atlantic surface current variability from 10 years of TOPEX/Poseidon altimetry, **Geophysical Research Letters**, v. 31, L03308. p. 1-4, 2004.

ANWESHA Sarkar, *et al.*, In vitro Antioxidant activity of extracellular L-glutaminase enzyme isolated from marine yeast *Rhodotorula* sp. DAMB1, **Research Journal of Pharmacy and Technology**, Volume 13, p. 209 - 215, 2020.

BABIČ MN, Zupančič J. *et al.*, Ecology of the Human Opportunistic Black Yeast *Exophiala dermatitidis* Indicates Preference for Human-Made Habitats. **Mycopathologia**. Volume 183, p.201–212, 2018.

BILLER, S., BERUBE, P., DOOLEY, K. *et al.* Marine microbial metagenomes sampled across space and time. **Sci Data**, Volume 5, 2018. <https://doi.org/10.1038/sdata.2018.176>

BOURLÈS, B.; GOURIOU, Y. AND CHUCHLA, R. On the circulation in the upper layer of the western equatorial Atlantic, **Journal of Geophysical Research**, v. 104, issueC9, p. 21151–21170, 1999.

BOURLÈS, B. *et al.*, On the evolution of the thermocline and subthermocline eastward currents in the Equatorial Atlantic. **Geophysical Research Letters**, v.29, n. 16, 43. 2002.

BRASIL. Agência Nacional de Vigilância Sanitária -ANVISA -. **Deteção e Identificação dos Fungos de Importância Médica**. Módulo VII. ANVISA: Brasília. p16. 2004a.

BRANDT, P., *et al.* Changes in the ventilation of the oxygen minimum zone of the Tropical North Atlantic. **Journal of Physical Oceanography**, v. 40, n. 8, p. 1784–1801. 2010.

BURCH, M.; LEVETIN, E.; Effects of meteorological conditions on spore plumes. **International Journal of Biometeorology**, v.46, p. 107-117, 2002.

CABOS, VARA, KOSEKI; Tropical Atlantic Variability: Observations and Modeling; **Atmosphere**, v.10, n.502; 2019.

CAMPBELL, C. K.; JOHNSON, E. M. **Identification of pathogenic fungi**. 2 ed. John Wiley & Sons, 2013.

CETER, T. Effects of global-warming and climate-changes on atmospheric fungi spores distribution. **Communications Faculty of Sciences University of Ankara Series C: Biology**. Ankara University Faculty of Sciences. v. 27, n. 2, p. 263-272. 2018.

CHENG, H.-R.; JIANG, N. Extremely Rapid Extraction of DNA from Bacteria and Yeasts. **Biotechnology Letters**, v. 28 n.1 p. 55–59. 2006.

CIONE, J.J. and UHLHORN, E.W. Sea Surface Temperature Variability in Hurricanes: Implications with Respect to Intensity Change. **Monthly Weather Review**, Volume 131, p. 1783-1796, 2003.

COELHO, M. S.; GAN, M. A.; CONFORTE, J. C. Estudo da variabilidade da posição e da nebulosidade associada à ZCIT do Atlântico, durante a estação chuvosa de 1998 e 1999 no nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Meteorologia**, v. 19, p. 23-34, 2004.

COOLEY, J. D. *et al.*; Correlation between the prevalence of fungi and sick building syndrome. **Occup Environ Med** v. 55. p. 579-84. 1998.

CUNLIFFE, M. *et al.* Sea surface microlayers: A unified physicochemical and biological perspective of the air-ocean interface. **Progress in Oceanography**. v.109, p. 104-116, 2013.

CUNLIFFE, M.; MURRELL, J. C. The sea-surface microlayer is a gelatinous biofilm. **The ISME Journal**. v. 3, p. 1001-1003, 2009.

ÇETER, T. *et al.*, Investigation of fungi spores concentration in niğde atmosphere (Turkey). **Communications Faculty of Sciences University of Ankara Series C Biology**. v. 29, p. 351 – 364, 2020.

DADAR, M. *et al.*, Candida albicans - Biology, molecular characterization, pathogenicity, and advances in diagnosis and control – An update. **Microbial Pathogenesis**, Volume 117, p. 128–138, 2018.

DEVOTO, T Brito *et al.*, Exploring fungal diversity in Antarctic wildlife: isolation and molecular identification of culturable fungi from penguins and pinnipeds, **New Zealand Veterinary Journal**, Volume 70, n. 5, p. 263-272, 2022.

DIDDEN, N.; SCHOTT, F. Eddies in the North Brazil Current retroflection region observed by Geosat altimetry, **Journal of Geophysical Research**, v. 98, issue C11, p. 20121– 20131, 1993. doi: 10.1029/93JC01184.

DONGUY, J.; MEYERS, G.; Mean annual variation of transport of major currents in the tropical pacificoccean.Deep Sea Res. Part I **Oceanogr. Res. Pap.** Volume 43, p. 1105–1122, 1996.

EVANS, D. L.; SIGNORINI, S. R. Vertical structure of the Brazil Current, **Nature**, Volume 315, p. 48 – 50, 1985.

ENFIELD, D. B., MAYER, D. A. Tropical Atlantic sea surface temperature variability and its relation to El Nino Southern Oscillation. **J. Geophys. Res.** Volume 102, p. 929–945, 1997.

EZEKIEL C., KRAAK B., SANDOVAL-DENIS M., SULYOK M., OYEDELE O.A., AYENI K., MAKINDE O., AKINYEMI O., KRSKA R., CROUS P., HOUBRAKEN J. Diversity and toxigenicity of fungi and description of *Fusarium madaense* sp. nov. from cereals, legumes and soils in north-central Nigeria. **MycoKeys**. Volume 67, p. 95-124, 2020.

FERREIRA, N. S. Zona de convergência intertropical. **Boletim do Climanálise Especial - Comemoração dos 10 anos**, São Paulo, 1996.

FOLTZ, G. R., et al. The Tropical Atlantic Observing System. **Front. Mar. Sci.**, v. 6, n. 206, 2019.

FOX J, WEISBERG S (2019). An R Companion to Applied Regression, Third edition. Sage, Thousand Oaks CA. <<https://socialsciences.mcmaster.ca/jfox/Books/Companion/>>.

FRIERSON, D. M. W.; HWANG, YT.; FUCKAR, N. S.; SEAGER, R.; KANG, S. M.; DONOHOE, A.; MAROON, E. A.; LIU, X.; BATTISTI, D. S. Contribution of ocean overturning circulation to tropical rainfall peak in the Northern Hemisphere. **Nature Geoscience**, v. 6, p. 940–944, 2013.

FLAGG, C. N.; GORDON, R. L.; MCDOWELL, S. Hydrographic and Current Observations on the Continental Slope and Shelf of the Western Equatorial Atlantic. **Journal of Physical Oceanography**. V. 16, pp. 1412–1429, 1986.

GARRISON, Tom. **Fundamentos de Oceanografia**. Cengage Learning, São Paulo. 2010. 426p.

GARZOLI, S.L., FFIELD, A., JOHNS, W.E. AND YAO, Q. North Brazil Current retroflection and transports, **Journal of Geophysical Research**, v. 109, C01013, 2004. doi: 10.1029/2003JC001775.

GARZOLI, S.L., YAO, Q., FFIELD, A. North Brazil Current rings and the variability in the latitude of retroflection. In: Goni, G., Malanotte-Rizzoli, P., (Eds.), Interhemispheric Water Exchange in the Atlantic Ocean. **Elsevier Oceanographic Series**, pp. 357–374, 2003

GEYER, W.R., BEARDSLEY, R.C., LENTZ, S.J., CANDELA, J., LIMEBURNER, R., JOHNS, W.E., CASTRO, B.M. AND SOARES, I.D. Physical oceanography of the Amazon shelf, **Continental Shelf Research**, v. 16, p. 575-616, 1996, doi: 10.1016/0278-4343(95)00051-8.

GEORGAKOPOULOS, D. G. *et al.*; Microbiology and atmospheric processes: biological, physical and chemical characterization of aerosol particles. **Biogeosciences**, Volume 6, p.721–737, 2009.

GOES, M. *et al.*, Variability of the Atlantic off-equatorial eastward currents during 1993–2010 using a synthetic method. *Journal of Geophysical Research: Ocean*, v.**118**, p.3026–3045. 2013.

GODINHO, V. M., *et al.*, Diversity and distribution of hidden cultivable fungi associated with marine animals of Antarctica. **Fungal Biology**, 2019.

GONÇALVES, M. F. M. *et al.*, Biodiversity of *Penicillium* species from marine environments in Portugal and description of *Penicillium lusitanum* sp. nov., a novel species isolated from sea water, **Int J Syst Evol Microbiol**, Volume 69, n. 10, 2019.

HASSETT, Brandon T. *et al.* "Global diversity and geography of planktonic marine fungi" **Botanica Marina**, Volume 63, no. 2, p. 121–139. 2020. <https://doi.org/10.1515/bot-2018-0113>

HEITGER, M., BALTAR, F. Respiration, Production, and Growth Efficiency of Marine Pelagic Fungal Isolates. **J. Fungi** , Volume 9, n. 417, 2023.

HERVE M (2023). RVAideMemoire: Testing and Plotting Procedures for Biostatistics. R package version 0.9-83, <<https://CRAN.R-project.org/package=RVAideMemoire>>.

JAYARAM M, NAGAO H. First Report of Environmental Isolation of *Exophiala* spp. in Malaysia. **Curr Microbiol.**; Volume 77, p. 2915–2924, 2020.

JOCHUM, M.; MALANOTTE-RIZZOLI, P. On the generation of the North Brazil Current rings. **Journal of Marine Research**. V. 61, pp. 147–173, 2003.

JOHNS, W. E.; LEE, T. N.; SCHOTT, F. A.; ZANTOPP, R. J.; EVANS, R. H. The North Brazil Current retroflection: seasonal structure and eddy variability. **Journal of Geophysical Research**. V. 95, pp. 22103–22120, 1990.

JOHNS, W.E., LEE, T.N., BEARDSLEY, R.C., CANDELA, J., LIMEBURNER, R. AND CASTRO, B. Annual cycle and variability of the North Brazil Current, **Journal of Physical Oceanography**, Volume 28, p. 103–128, 1998, doi: 10.1175/1520-0485(1998)0282.0.CO;2.

JOHNSON, G.; SLOYAN, B. KESSLER, W. MCTAGGART, K. Direct measurements of upper ocean currents and water properties across the tropical pacific during the 1990s. **Prog. Oceanogr.** Volume 52, p.31–61, 2002.

KAWEKRAJAY, C., PUTCHAKARN, S. & LIMTONG, S. Cultivable yeasts associated with marine sponges in the Gulf of Thailand, South China Sea. **Antonie van Leeuwenhoek**, Volume 114, p. 253–274, 2021.

KANG, S. M.; SHIN, Y.; XIE, S-P. Extratropical forcing and tropical rainfall distribution: energetics framework and ocean Ekman advection. **npj Clim. Atmos. Sci.**, n. 20172, 2018.

KESSLER, W.; The circulation of the eastern tropical pacific: A review. **Prog. Oceanogr.** Volume 69, p.181–217, 2006.

KHADIJA, Al-Hosni, *et al.*, Preussia sp. BSL-10 producing nitric oxide, gibberellins, and indole acetic acid and improving rice plant growth, **Journal of Plant Interactions** Volume 13, p. 112 - 118, 2018.

T. LEE, T.; WALISER, D.; LI, J.; LANDERER, F.; GIERACH, M.; Evaluation of CMIP3 and CMIP5 windstress climatology using satellite measurements and atmospheric reanalysis products. **J. Clim.** Volume 26, p. 5810–5826, 2013.

LISS, P. S.; DUCE, R. A.; **The sea surface and global change**, Cambridge University Press: Cambridge, 1997.

LÜBBECKE, J., MCPHADEN, M. J. On the inconsistent relationship between Atlantic and Pacific Niños. **J. Clim.** Volume 25, p. 4294–4303, 2012.

LÜBBECKE, J. F., BONING, C. W., KEENLYSIDE, N. S., XIE, S. P. On the connection between Benguela and equatorial Atlantic Ninos and the role of the South Atlantic Anticyclone. **J. Geophys. Res.-Oceans**, Volume 115, 2010.

LÜBBECKE, J. F., RODRIGUEZ-FONSECA, B., RICHTER, I., MARTIN-REY, M., LOSADA, T., POLO, I., *et al.* Equatorial Atlantic variability-Modes, mechanisms, and global teleconnections. **Wires Clim. Change**, Volume 9, 2018.

LUMPKIN, R.; GARZOLI, S. L. Near-surface circulation in the Tropical Atlantic **Ocean. Deep-Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers**, v. 52, n. 3, p. 495–518, 2005

MADIGAN, M.T. *et al.* **Microbiologia de Brock**. 12. ed. Porto Alegre. Artmed, 1160p, 2010.

MAGYAR Donát, *et al.* Impact of global megatrends on the spread of microscopic fungi in the Pannonian Biogeographical Region, **Fungal Biology Reviews**, v. 37, p. 71-88, 2021.

MANAMGODA, DS, ROSSMAN AY, CASTLEBURY LA *et al.*, A taxonomic and phylogenetic re-appraisal of the genus *Curvularia* (Pleosporaceae): human and plant pathogens. **Phyotaxa** Volume 212, p. 175– 198, 2015.

MARIN-FELIX, Y., HERNÁNDEZ-RESTREPO, M., CROUS, P.W. Multi-locus phylogeny of the genus *Curvularia* and description of ten new species. **Mycol Progress** Volume 19, p. 559–588, 2020.

MARSHALL, J.; DONOHOE, A.; FERREIRA, D.; MCGEE, D. The ocean's role in setting the mean position of the inter-tropical convergence zone. **Clim. Dyn.**, v. 42, p. 1967–1979, 2014.

MEIER, F. C. Microorganisms in the atmosphere of arctic regions. **Phytopathology**(Abstract), 25 : 27 1935

MELO, A. B. C.; CAVALCANTI, I. F. A.; SOUZA, P. P. Zona de convergência intertropical do Atlântico. In: CAVALCANTI, I. F. A.; FERREIRA, N. J.; SILVA, M. G. A. J.; DIAS, M. A. F. S. **Tempo e clima no Brasil**. São Paulo: Oficina de Textos, p. 25-41, 2009.

MICHALSKA, M.; KURPAS, M.; ZORENA, K.; WAŻ, P.; Marks, R. Mold and Yeast-Like Fungi in the Seaside Air of the Gulf of Gdańsk (Southern Baltic) after an Emergency Disposal of Raw Sewage. **J. Fungi**, Volume 7, n. 219, 2021.

MIRANDA, Ana F. *et al.*, Marine Protists and Rhodotorula Yeast as Bio-Convertors of Marine Waste into Nutrient-Rich Deposits for Mangrove Ecosystems, **Protist**, Volume 171, Issue 3, 2020.

MOURA, A. D.; SHUKLA, J. On the dynamics of droughts in northeast Brazil: observations, theory and numerical Experiments with a General Circulation Model. **J. Atmos. Sci.**, v. 38, n. 12, p. 2653-2675, 1981.

MOLINARI, R.L. Observations of eastward currents in the tropical South Atlantic Ocean: 1978Ð1980. **Journal of Geophysical Research** 87, 9707Ð9714, 1982.

MULLER-KARGER, F.E., VARELA, R., THUNELL, R., LUERSSSEN, R., HU, C. AND WALSH, J.J. The importance of continental margins in the global carbon cycle, **Geophysical Research Letters**, v. 32, L01602, 2005. doi: 10.1029/2004GL021346.

OKUMURA, Y.; XIE, S.P. Interaction of the Atlantic Equatorial Cold Tongue and the African Monsoon. **J. Clim.** 2004, v. 17, p. 3589–3602.

PARRACHA, J.L., BORSOI, G., VEIGA, R., FLORES-COLEN, I., NUNES, L., VIEGAS, C.A., MOREIRA, L.M., DIONÍSIO, A., GLÓRIA GOMES, M., FARIA, P., Durability assessment of external thermal insulation composite systems in urban and maritime environments, **Science of The Total Environment**, Volume 849, 2022.

PASQUARELLA, C.; PITZURRA, O.; SAVINO, A. The index of microbial air contamination. **Journal of hospital infection** , v. 46, n. 4, p. 241 256, 2000.

PASQUARELLA, C. *et al.*; A mobile laminar airflow unit to reduce air bacterial contamination at surgical area in a conventionally ventilated operating theatre. **Journal of Hospital Infection**, v. 66, n. 4, p. 313 319, 2007.

PETERSON, R.G., AND L. STRAMMA. Upper-level circulation in the South Atlantic Ocean. **Progress in Oceanography**, 26, 1-73, 1991.

PHILANDER, S. G. H.; GU, D.; HALPERN, D.; LAMBERT, G.; LAU, N. C.; LI, T.; PACANOWSKI, R. C. Why the ITCZ is mostly north of the equator? **Journal of Climate**, v. 9, p. 2958-2972., 1996.

PHILANDER S.; HURLIN, W.; SEIGEL, A.; Simulation of the seasonal cycle of the tropical pacific ocean. **J. Phys. Oceanogr.** Volume 17, p.1986–2002, 1987.

PIRATA Website. Disponível em: . Acesso em: 20 de junho de 2022.

RAEDER, U.; BRODA, P. Rapid preparation of DNA from filamentous fungi. **Letters in Applied Microbiology**, v. 1. P. 17-20. 1985.

- RÄMÄ T, DAVEY ML, NORDÉN J. *et al.*, Fungi Sailing the Arctic Ocean: Speciose Communities in North Atlantic Driftwood as Revealed by High-Throughput Amplicon Sequencing. **Microb Ecol.** Volume 72, n 2, p. 295-304. 2016. doi: 10.1007/s00248-016-0778-9
- REVERDIN, G.; FRANKIGNOUL, C.; KESTENARE, E.; MCPHADEN, M.; Seasonal variability in the surface currents of the equatorial Pacific. **J. Geophys. Res. Oceans** Volume 99, p.20323–20344, 1994.
- RICHARDSON, J.D., PAULARENA, K.I., BELCHER, J.W. AND LAZARUS, A.J. Solar wind oscillations with a 1.3-year period. **Geophysical Research Letters** 21: doi: 10.1029/94GL01076. issn: 0094-8276, 1994.
- R CORE TEAM (2023). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- ROCKE Emma, CHEUNG Shunyan, GEBE Zimkhita, *et al.* Marine Microbial Community Composition During the Upwelling Season in the Southern Benguela. **Frontiers in Marine Science**. Volume 7, 2020. 10.3389/fmars.2020.00255.
- SANGER, F.; NICKLEN, S.; COULSON, A. R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Volume 74, n. 12, p. 5463-5467, 1977.
- SCHNEIDER, T.; BISCHOFF, T.; HAUG, G. H. Migrations and dynamics of the intertropical convergence zone. **Nature**, Volume 513, p. 45-53, 2014.
- SCHMITTNER, A., Chiang, J. C. H., & Hemming, S. R. . Introduction: The ocean's meridional overturning circulation. **Geophysical Monograph Series**, p. 1–4, 2007.
- SCHOTT, F. *et al.* On the boundary flow off Brazil at 5–10°S and its connection to the interior tropical Atlantic. **Geophysical Research Letters**, Volume 29, n. 17, 1840, 2002. doi:10.1029/2002GL014786.
- SCHOTT, F. A., STRAMMA, L., FISCHER, J. The warm water inflow into the western tropical Atlantic boundary regime, spring 1994. *Journal of Geophysical Research*, v. **100**(C12), n. 24, p.745–24,760. 1995.
- SIDRIN, J. J.; ROCHA, M. F.; **Micologia médica à luz de autores contemporâneos**. Rio de Janeiro, Guanabara Koogan, 2012.
- SILVEIRA, I. C. A., L. B. MIRANDA, & W. S. BROWN. On the origins of the north Brazil current. **Journal of Geophysical Research-Oceans**, 99(C11), 22.501 – 22.512, 1994.
- SMITH, S. N.; DEVAY, J. E.; HSIEH, W.-H.; LEE, H.-J. Soil-Borne Populations of *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum*, a Cotton Wilt Fungus in California Fields. **Mycologia**, v. 93, n. 4, p. 737 - 743. 2001.

STANLEY, Herbert; AMESI, M., Air Quality Assessment of Port Harcourt Urban Slums and Health Implications, **International Journal of Pathogen Research**, Volume 6, n.2, p. 50-57, 2021.

STRAMMA, L. & SCHOTT, F. The mean flow field of the tropical Atlantic Ocean. **Deep-Sea Research Part II** v. 46, n. 1–2, p. 279–303, 1999.

Stramma, L., Brandt, P., Schafstall, J., Schott, F., Fischer, J., & Körtzinger, A. (2008). Oxygen minimum zone in the North Atlantic south and east of the Cape Verde Islands. **Journal of Geophysical Research**, v. 113, 2008.

TREWIN, B., The climates of the Tropics, and how they are changing. *In*: HARDING, S.; MCCOMISKIE, R.; WOLFF, M.; TREWIN, D.; HUNTER, S. **State of the Tropics**. Queensland: James Cook University, 2014. 450p. p. 39-51.

VERMA P, SINGH S, SINGH R, Seven species of *Curvularia* isolated from three lakes of Bhopal. **Adv Life Sci Technol** Volume 8, p. 13–15, 2013.

WICKHAM H, BRYAN J (2023). `_readxl: Read Excel Files_`. R package version 1.4.2, <<https://CRAN.R-project.org/package=readxl>>.

WICKHAM H, *et al.* “Welcome to the tidyverse.” *Journal of Open Source Software*, v.4, n.4), 1686. 2019. doi:10.21105/joss.01686 <<https://doi.org/10.21105/joss.01686>>.

WILSON W.D., JOHNS, W.E. AND GARZOLI, S.L. Velocity structure of North Brazil Current rings, **Geophysical Research Letters**, v. 29, n.8, 2002. doi: 1029/2001GL013869.

WMO. **El Niño/Southern Oscillation**. n. 1145. Geneva, 2014.

WU, C.; WANG, Y.; YANG, Y. Pestalotiopsis Diversity: Species, Dispositions, Secondary Metabolites, and Bioactivities, **Molecules**, Volume 27, 2022.

WYRTKI, K, KENDALL, R. Transports of the pacific equatorial countercurrent. **J. Geophys. Res.** Volume 72, p.2073–2076, 1967.

XIE, S.; CARTON, J., Tropical Atlantic Variability: Patterns, Mechanisms, and Impacts. **Geophysical monograph**. V. 147, p. 121-142. 2004.

XU, Y., RAMANATHAN, V., & VICTOR, D. G. Global warming will happen faster than we think. **Nature**, Volume 564, n. 7734, p.30–32, 2018.

XU Zhiyong *et al.*, Pestalotiopsis B, a new isocoumarin derivative from the mangrove endophytic fungus *Pestalotiopsis* sp. HHL101, **Natural Product Research**, 2019.

YANG, S.; LI, Z.; YU, J-Y.; HU, X.; DONG, W.; HE, S. El Niño–Southern Oscillation and its impact in the changing climate. **National Science Review**, v. 5, n. 6, p. 840–857, 2018

YAO, M. *et al.* Bioaerosol: A bridge and opportunity for many scientific research fields. **Journal of Aerosol Science**, v. 115, p. 108–112. 2018

YAZDANPARAST SA, Mohseni S, De Hoog GS, Aslani N, Sadeh A, Badali H. Consistent high prevalence of *Exophiala dermatitidis*, a neurotropic opportunist, on railway sleepers. **J Mycol Med.** Volume 27, p. 180–187, 2017.

YOUN, U. J. *et al.*, Chemical constituents from the culture filtrate of a Himalayan soil fungus, *Preussia* sp. and their anti-inflammatory activity, **The Korean Journal of Microbiology**, Volume 54, n. 1, p. 18–23, 2018.

ZEBIK, S. E. Air–sea interaction in the equatorial Atlantic region. **J. Climate** Volume 6, p. 1567–1586, 1993.

ZHOU, Jing; ZHENG, Dong-Yao; XU, Jing, Two new polyketides from endophytic fungus *Pestalotiopsis* sp. HQD-6 isolated from the Chinese mangrove plant *Rhizophora mucronata*, **Journal of Asian Natural Products Research**, 2021.

APÊNDICE A – ARTIGO PUBLICADO

CHARACTERIZATION OF THE CULTIVABLE MICROBIOTA COMPONENTS OF MARINE BIOAEROSOLS IN THE NORTH TROPICAL ATLANTIC

ABSTRACT

Microorganisms are key to balancing marine ecosystems and have complex interactions at the ocean-atmosphere interface, affecting global climate and human health. This research investigated the diversity of cultivable bacteria and fungi in marine bioaerosols in the tropical North Atlantic Ocean. Using the technique of spontaneous sedimentation in selective culture media, samples were collected during oceanographic expeditions. After isolation and purification, microbial strains were identified by phenotypic and genetic analyses. Fungi isolated included *Acrophialophora*, *Aspergillus*, *Chrysosporium*, *Cladosporium*, *Fonsecaea*, *Mucor*, *Rhodotorula*, *Schizophyllum*, *Stemphylium*, *Candida*, *Curvularia*, *Cystobasidium*, *Exophiala*, *Neotestudina*, *Penicillium*, *Pestalotiopsis* and *Preussia*. The bacterial isolates belonged to the Firmicutes, Proteobacteria, *Enterobacteriaceae* family, *Bacillus* genus, and *Serratia liquefaciens* groups. About 40% of bacteria and 42% of fungi were identified as potential human pathogens, suggesting a relationship between human actions and the microbiota present in bioaerosols on the high seas. Sea surface temperature (SST) and wind speed influenced microorganisms. More studies and analyzes in different scenarios should be conducted considering environmental and climate variables in order to deepen knowledge and generate information on the subject so that standards can be established, and quality parameters determined.

Keywords: Bioaerosols, physic-oceanographic parameters, tropical Atlantic Ocean, PIRATE buoys

INTRODUCTION

Microorganisms are present in all environments on planet Earth, although in some of these, in loco sampling is impossible due to difficult access and/or the current absence of compatible technologies. The oceans, until the last century, were included in this group. The presence of marine microorganisms in the air over the Atlantic Ocean had not been documented until the mid-twentieth century, with the first articles published on the subject in the 1950s [1,2]. Research efforts in an attempt to fill these gaps on ocean microorganisms in the atmosphere, diversity, biogeography, interactions and participation in global biogeochemistry are clear from the increasing numbers of articles published in the following decades. A quick search on a free research platform using the combination of keywords: marine microbial, atmospheric communities, aerosol; resulted in production figures per decade: 1960: 668; 1970: 1510; 1980: 2,510; 1990: 6,120; 2000: 16,200; 2010: 18,200; and 16,100 in the period 2020-2022.

Bioaerosols are conceptualized as solid particles carried by the air originating from biological organisms [3], which are aerosolized from the marine environment to the atmosphere through the continuous generation of bubbles caused by the friction of the wind on the surface of the water [4,5]. The Sea Surface Microlayer (SML) is the main contributor of organic matter and inorganic salts to the atmosphere [6], including microorganisms, such as bacteria and fungi [3,6,7,], viruses, pollen and their derivatives, such as endotoxins and mycotoxins [7].

This particulate biological material suspended in the atmosphere has functions for the Earth system, the climate and public health at the local, regional and global scales, as they act directly in the dispersion and absorption of solar radiation or, even indirectly, in the formation of cloud condensation nuclei, influencing droplet sizes, cloud cover and albedo [4,8,9]. Its distribution, abundance and diversity are affected by different meteo-oceanographic factors such as temperature, precipitation, relative humidity and wind speed, as well as climate change and global warming [10], thus making it essential to collect abiotic data complementary for the thematic discussion, on a relatively long-time scale and at the time of sampling.

Among the main factors that impact the microbiological diversity in the atmosphere, there is the air temperature [11]. In the Tropical Atlantic Ocean, this factor oscillates meridionally, leading to the Intertropical Convergence Zone (ITCZ), which migrates seasonally, being more north in June, July, and August and reaching its southernmost position in December, January, and February. The trade winds are associated with the migration of sea surface temperature (SST) and ITCZ.

The SE trade winds move towards the NH (SH) as the ITCZ is further north (south) [12]. In this sense, despite efforts, information on the diversity and distribution of these organisms throughout the oceans, especially the Atlantic Ocean, is still scarce. Thus, this article aims to analyze the diversity of cultivable bacteria and fungi present in marine bioaerosols collected along the Tropical North Atlantic Ocean (TNA) and also to find possible determinant relationships between oceanographic and meteorological variables and microbial diversity.

MATERIALS AND METHODS

Study Area

The study area comprised the tropical North Atlantic, from 0° to 15°N (Figure 1-a). Samplings were carried out during an expedition by the Prediction and Research Moored Array in the Tropical Atlantic Program (PIRATA) around meteo-oceanographic buoys (Figure 1-b) and corresponded to the following points: P1 (15°N 38°W), P2(12°N 38°W), P3(8°N 38°W), P4(4°N 38°W) and P5(0° 35°W). The samples were collected in November and December of 2017, on board the Hydroceanographic (NPqHo) ship “Vital de Oliveira” of the Brazilian Navy and in June 2022 on board the oceanographic ship “Antares” of the Brazilian Navy.



Figure 1. (a) Location map of the study area; (b) Standard meteo-oceanographic buoy referring to the PIRATA Project.

Samplings

Microbial particles were collected using the spontaneous sedimentation technique on the surface of selective culture media in Petri dishes [13,14]. Briefly, selective culture media were exposed to air for 30 minutes with the opening of the Petri dishes, then closed and conditioned. Sets, in duplicate, of selective medium for bacteria [Plate Count Agar (PCA, Difco®) diluted in sea water at 10 ppm] and fungi [Potato Dextrose Agar (ADB) added with 10µg/ml of Ampicillin] were used. The collected material was then transported to the Laboratório de Microbiologia Ambiental e do Pescado (LAMAP - UFC).

Sample processing: isolation and identification of the microbiota

In the laboratory, the grown bacterial colonies were selected and isolated. Cultures were checked for purity, morphology and cell wall characteristics by Gram staining technique [15,16]. Then, the cultures were submitted to biochemical tests according to the Bergey Manual [17] arranged as a dichotomous key in the following phenotypes: production of catalase and oxidase enzymes, motility, production of hydrogen sulfide (H₂S), production of indole, test of methyl red (VM) and Voges-Proskauer (VP), urea broth, Simmons citrate [17,18].

For the isolation of fungal cultures, plates with growth were rehydrated (10 ppm NaCl saline solutions) and diluted. Inoculated plates were incubated at 28°C for 7 days [14]. After isolation, the samples were purified and, when isolated colonies were obtained, DNA extraction was performed following Aamir (2015) with adaptations, the polymerase chain reaction (PCR) using the ITS-1 primers (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3') and ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') and finally the sequencing of the amplicons achieved.

Oceanographic and meteorological variables

Meteoceanographic data were collected together at the time of collection and were obtained through equipment present in the facilities of the ships of each shipment. The variables obtained were wind speed, relative humidity, atmospheric pressure and air temperature. During the expeditions, no CTD stations were carried out so, seeking to complement the abiotic data, SST data from satellite databases available online was included. In this work, 20 years of monthly SST and surface winds (10m) from January 2003 to December 2022 were analyzed. The SST data have a 9 Km spatial resolution and are available in the MODIS Aqua

Level 3 product, derived from the MODIS sensor from NASA aboard the Aqua satellite (<http://apdrc.soest.hawaii.edu/>). The surface wind database is from the ERA5 reanalysis model, with 0.25 degrees of resolution. ERA5 is the fifth generation European Center for Medium-Range Weather Forecasts (ECMWF) reanalysis for global climate. The SST data were used to analyze the climatology of the study area and to estimate the SST anomalies during the collection period. The SST anomaly is obtained by removing the monthly climatological average. The anomaly values make it possible to identify whether the SST was above or below the historical average during the collection analysis period. In addition, the satellite data allowed for extracting the values at the same points as the collections analyzed here.

Statistical analysis

Statistical analyzes were performed using the Rstudio software, which uses the R statistical programming language, (version 4.2.3, The R Foundation, Vienna, Austria) readxl, RVAideMemoire, car and the tidyverse packages were used. Initially, the Shapiro-Wilk test was performed to verify the possible normality of the meteoceanographic data. Since these data did not present a normal distribution and due to the sample size, non-parametric tests were chosen. The Levene test was also performed for homogeneity of median variances for the 2017 and 2022 groups. The Mann-Whitney test was performed for two independent groups of meteoceanographic variables between the years 2017 and 2022. The Kruskal-Wallis test (ANOVA one-way for non-parametric data) with the chi-square value for groups 2017 and 2022.

RESULTS

Microbiota cultivable in marine bioaerosols

According to the morphological characteristics of the isolated fungal colonies, 19 colonies belonging to 9 different genera were identified: *Acrophialophora* sp. (5%), *Aspergillus* sp. (27%), *Chrysosporium* sp. (5%), *Cladosporium* sp. (16%), *Fonsecaea* sp. (27%), *Mucor* sp. (5%), *Rhodotorula* sp. (5%), *Schizophyllum* sp. (5%) and *Stemphylium* sp. (5%). Of the bacterial isolates, 56 isolates representing the phyla Firmicutes (35%) and Proteobacteria (20%) were characterized; family *Enterobacteriaceae* (25%); genera *Bacillus* (5%) and *Serratia liquefaciens* (15%) (Table 1).

Table 1: Operational Taxonomic Units (OTUs) of bacteria and fungi detected in bioaerosols collected at points along the coast of Brazil in the TNA ocean and the Equator line phenotypically identified

		P1	P2	P3	P4	P5
B a c t e r i a	Proteobacteria					
	Enterobacteriaceae					
	Firmicutes		*	*		
	<i>S.liquefaciens</i>					
	<i>Bacillus</i>					
F u n g i	<i>Aspergillus</i> sp.					
	<i>Fonsecaea</i> sp.					
	<i>Rhodotorula</i> sp.					
	<i>Stemphylium</i> sp.					
	<i>Acrophialophora</i> sp.					
	<i>Chrysosporium</i> sp.					
	<i>Schizophyllum</i> sp.					
	<i>Cladosporium</i> sp.					
	<i>Preussia</i> sp.					
	<i>Neotestudina</i> sp.					
	<i>Preussia</i> sp.					
	<i>Curvularia</i> sp.					
	<i>Penicillium</i> sp.					
	<i>Exophiala dermatitidis</i>					
	<i>Candida</i> sp.					
	<i>Pestalotiopsis</i> sp.					
	<i>Cystobasidium</i> sp.					
	<i>Mucor</i> sp.					

*It was not possible to isolate strains.

At the first collection point (P1) bacterial strains belonging to the Phylum Protobacteria and Firmicutes, and the *Enterobacteriaceae* family were found, as for fungal strains, only the genus *Aspergillus* was identified.

At the second (P2) and third (P3) collection points, it was not possible to isolate bacterial strains in the collected samples. In the selective media there was growth of fungal colonies with characteristics of the genera: *Aspergillus* sp., *Fonsecaea* sp., *Rhodotorula* sp. and *Acrophialophora* sp. (P2), and *Fonsecaea* sp., *Schizophyllum* sp., *Stemphylium* sp., *Cladosporium* sp., *Chrysosporium* sp. and *Aspergillus* sp. (P3).

At the fourth collection point (P4), different qualities of bacteria were found, including: *Serratia liquefaciens*, phylum Firmicutes, phylum Protobacteria, *Enterobacteriaceae* Family and *Bacillus* genus. As for the fungal samples, only the genus *Mucor* was possibly identified.

At the last collection point (P5) only bacterial microorganisms corresponding to the *Enterobacteriaceae* family, phylum Firmicutes and *Serratia liquefaciens* were found.

As for the results of fungal sequencing, 19 colonies were genetically identified, these data were compiled in the table below (Table 2):

Table 2 – Microbiological diversity results according to each collection point.

Collection Point	Code Sample	Identification	Similarity	Access (GenBank)
P1	1	<i>Aspergillus</i> sp.	95%	MN788648.1
	12	<i>Neotestudina</i> sp.	97%	OW983104.1
	06.1	<i>Rhodotorula sphaerocarpa</i>	86%	MT355634.1
	7	<i>Aspergillus</i> sp.	89%	MK725871.1
	5	<i>Preussia</i> sp.	95%	KC013967.1
P2	7	<i>Cladosporium</i> sp.	84%	KX788174.1
	16	<i>Curvularia</i> sp.	86%	MN215656.1
	23	<i>Penicillium</i> sp.	82%	MN634532.1
	06.2	<i>Neotestudina</i> sp.	92%	OW983104.1

P3	8	<i>Penicillium citrinum</i>	87%	<u>OP163524.1</u>
	9	<i>Aspergillus</i> sp.	93%	<u>KY203991.1</u>
	11	<i>Candida</i> sp.	95%	<u>KY911171.1</u>
	14	<i>Aspergillus</i> sp.	92%	<u>MN700120.1</u>
	15	<i>Aspergillus japonicus</i>	83%	<u>GQ359413.1</u>
P4	16	<i>Curvularia</i> sp.	73%	<u>MN540246.1</u>
	18	<i>Pestalotiopsis</i> sp.	81%	<u>ON681710.1</u>
	26	<i>Cystobasidium</i> sp.	87%	<u>LC424143.1</u>
P5	29	<i>Candida</i> sp.	88%	<u>KP131656.1</u>
	30	<i>Exophiala dermatitidis</i>	86%	<u>MN410630.1</u>

Of the microorganisms identified, 10 divergent identifications were found, among which 4 were identified at the species level, the genus *Aspergillus* sp. was the most represented (26%), followed by *Candida* sp. (11%) and *Curvularia* sp. (11%) and the remaining *Cladosporium* sp. (5%), *Cystobasidium* sp. (5%), *Exophiala dermatitidis* (5%), *Neotestudina* sp. (5%), *Penicillium* sp. (5%), *Pestalotiopsis* sp. (5%), *Preussia* sp. (5%) and *Rhodotorula sphaerocarpa* (5%).

Oceanographic and meteorological variables

The parameters that were obtained were organized in the following table:

Table 3 - Meteorological and oceanographic parameters of the moments of microbiological collections.

Environmental Parameters	Collect points 2017					Collect points 2022				
	P1	P2	P3	P4	P5	P1	P2	P3	P4	P5
Air Temperature (°C)	28.4	26.4	35.5	25.7	26.5	25.2	25.5	25.1	26.1	25
Relative humidity (%)	63	74	49	82	78	69.0	76.0	85.0	78.0	81.0
Atmospheric Pressure (hPa)	1013	1012	1012.	1008.	1008.	1014.	1014.	1012.	1012.	1012.
Wind Speed (knots)	2.4	5.3	8.9	15.6	18	7	9	9	1	7
						20	14	9	5.5	10

Sea Surface Temperature (°C)	26.9	27.4	27.9	27.6	26.7	25.4	25.95	27.35	28.16	27.8
---------------------------------	------	------	------	------	------	------	-------	-------	-------	------

Statistical tests were performed to verify the presence of significant differences (Figure 2). Thus, the results indicate significant differences in the abiotic variables ($p < 0.05$) between the collection years (2017 and 2022), which results in possible significant differences in the organisms found between the collection years (2017 and 2022).

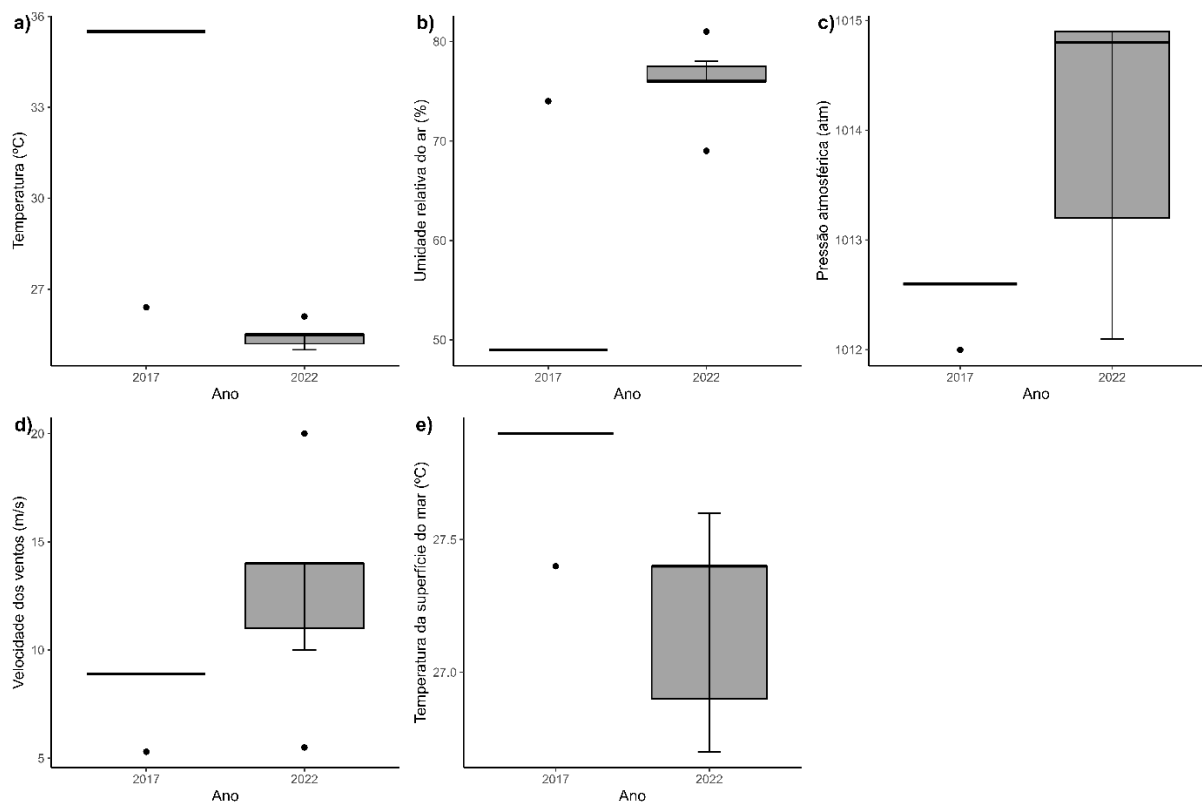


Figure 2. Boxplot comparing abiotic data annually (2017 and 2022). a) Air Temperature, b) Relative humidity, c) Atmospheric pressure, d) Wind speed and e) Sea Surface Temperature.

SST and surface wind data allow us to analyze the climatology and anomalies of the study area (Figures 3 and 4). Figure 3 shows the seasonal climatology of SST and surface winds. As expected, in the TNA, the SST is lower during the DJF and higher during the JJA, oscillating around 2°C throughout the year. This migration drives the trade winds and the ITCZ, which is north in JJA and south in DJF.

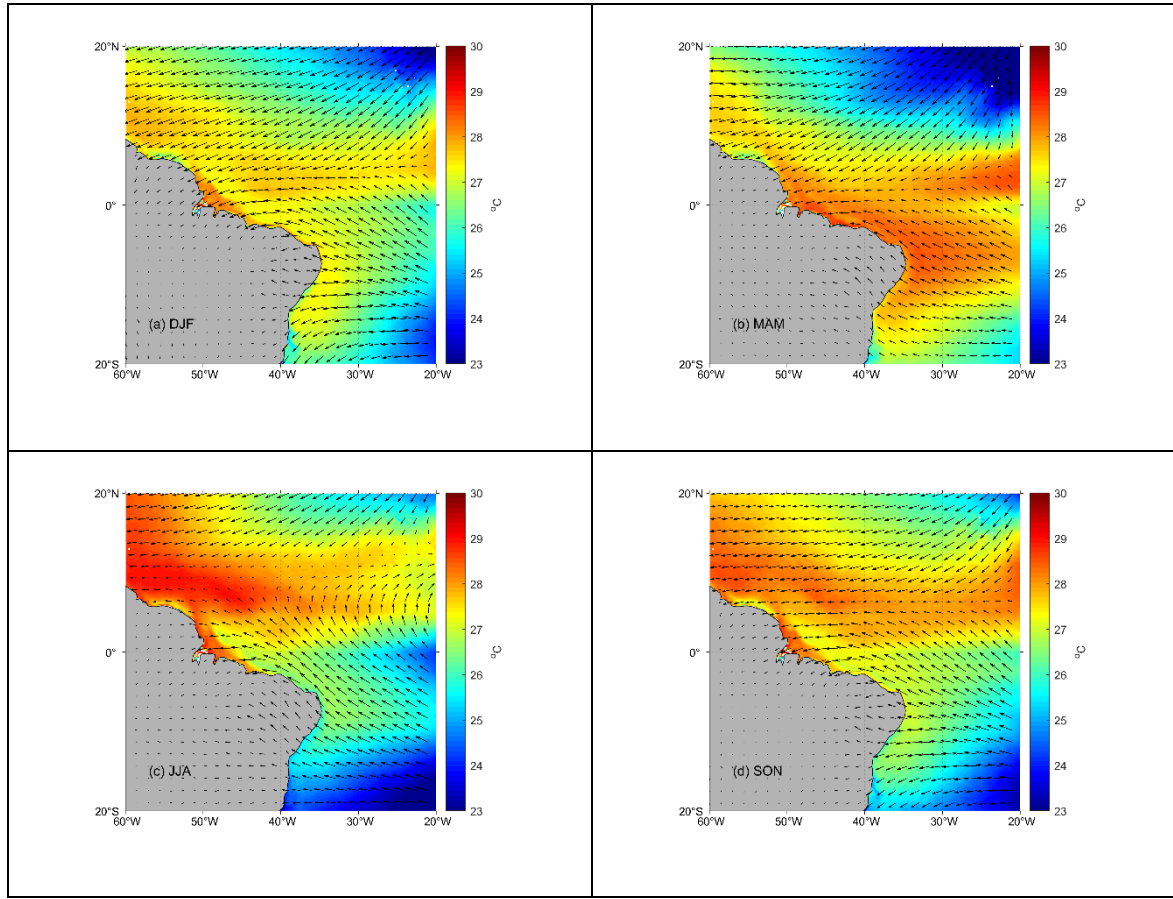


Figure 3. Seasonal SST climatology for (a) DJF (b) MAM (c) JJA (d) SON.

SST and wind anomalies were calculated for the period of the oceanographic campaigns, removing the monthly climatological average for the specific months and years of the oceanographic campaigns analyzed in this study. It would show us if the oceanic and atmospheric conditions were close to the climatology or presented atypical conditions. Figure 4 shows the SST anomalies and surface winds values for November 2017 and June 2022.

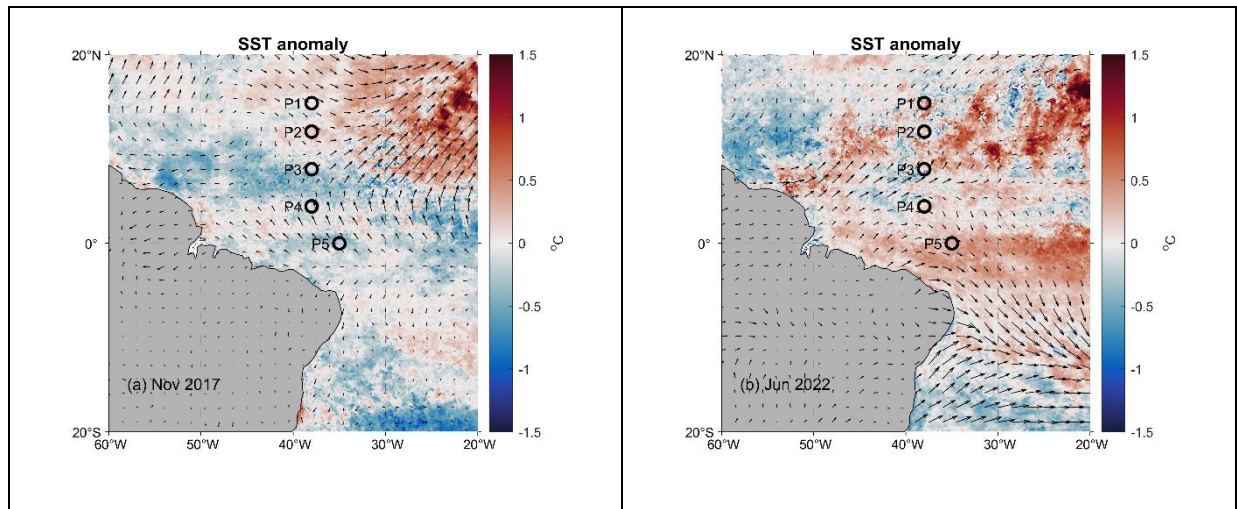


Figure 4. Sea surface temperature (MODIS Aqua) and wind (ERA5) anomalies for (a) November 2017 and (b) June 2022. Positive (red) and negative (blue) anomalies indicate oscillations in monthly climatology. Positions P1 to P5 are indicated by circles.

During the 2017 shipment, SST varied little concerning the historical average. However, it showed negative anomalies mainly at points P3 to P5. During the 2022 shipment, the same region presented positive SST anomalies. This characteristic agrees with the statistical results that bring significant annual differences between the variables. Therefore, there were significant yearly variations of SST, which were below the climatological averages in 2017 and above the climatological average in 2022, indicating once again that differences in this parameter can influence and cause changes in the microbiota found.

DISCUSSION

Multiple microbiological genera were found in the study area, evidencing a plurality that, until now, is at least little known and studied. In addition, the relationship between specimens and anthropogenic presence or action is remarkable.

As for the fungal genera, *Fonsecaea*, *Rhodotorula*, *Mucor* and *Acrophialophora* are widely associated in the literature with human pathogens and are present in the air of different environments, especially in urban areas and coastal cities [20-23]. The presence of these representatives that are potentially pathogenic for humans in marine bioaerosols along the ocean can be caused due to different reasons, including the intense ship traffic and its relationship with tourist activities, industrialization and global warming [24,25]. These mentioned anthropogenic activities impact and interfere with the sustainability of the marine

environment due to changes in symbiotic relationships and microorganisms in the marine environment [26].

Chrysosporium is a genus present in different marine ecosystems including algae, sponges and fish, making its presence in the study area consistent and expected. It is also important to emphasize the biotechnological capacity that the genus presents through the production of basic structures for the production of new drugs [27].

From pioneering research into atmospheric microbiota diversity to current research into the marine environment, the genus *Aspergillus* is found [28]. In addition to the amplitude in its presence, *Aspergillus* sporulation capacity and its association with atmospheric CO₂ concentrations are known, increasing the sporulation of organisms and, consequently, their presence in the environment [10]. Historically, species of the genus *Cladosporium* are often found in oceanic air masses and marine environments, especially in mangrove sediments [28]. The presence of *Cladosporium* can be explained due to the tendency of these spores to thrive in environments with a hot climate and air currents, parameters that are remarkable in the collected sites, in addition, their spores are mainly affected by variations in average temperature and pressure [10,29,30]. Fungal organisms of the *Cladosporium* and *Aspergillus* genera have previously been found in bioaerosol samples from Antarctica [31], evidencing, however, the lack of recent studies on the subject throughout the study area, or even possible relationships between the study area and the places where they are already present.

Species of the genus *Stemphylium* have a long record of detection in bioaerosols in different regions and altitudes, including along the Atlantic Ocean [32]. Despite the higher frequency in polar air masses, exposure to different temperatures and pressure can modify sporulation, possibly increasing it, which prolongs and favors its permanence and transport of fungal organisms to other locations [29,30].

Species of the genus *Schizophyllum* are cosmopolitan in occurrence and, according to Klein (2022), different concentrations of carbon dioxide can affect the reproduction of species of this genus, as well as low concentrations of this gas allow the formation of more complex fungal structures.

Regarding the bacterial material found, it was composed of bacteria that have significant pathogenic potential, such as those of the *Enterobacteriaceae* family, which, as they are not considered inhabitants of marine environments, are associated with pollution from the mainland, or even through ship traffic in the region associated with tourist and industrial activities [25]. In some of the older studies, the genus *Bacillus* appears in abundance [5], however, according to our results, in the TNA, only one isolate corresponded to this genus.

This could possibly be explained due to the fact that gram-negative bacteria are more commonly found in the marine environment, in agreement with works by other authors in relation to the marine environment [34]. The Firmicutes phylum was the most abundant in strains isolated from marine bioaerosols (35%), according to Seifried *et al.* (2015) in their research on the spatial distribution of bacterial populations in marine bioaerosol samples during a cruise from the North Sea to the Baltic Sea, identified representatives of the phylum Firmicutes in 8.3% of the isolates. According to Ghosh and Bhadury (2019) in their study on bacterioplankton in estuaries, the phylum Firmicutes did not appear to be an abundant component, with the exception of the estuary which had significant values of suspended particulate matter, indicating that they are more represented in waters of great turbidity, as well as the surface waters of the study area, which have high values of wind speed that carry the microbiota from the waters and transport it to the air. The phylum Proteobacteria represented 20% of the isolates, the second most abundant in the results, corresponding with the results of pioneering studies such as Urbano *et al.* (2011), in which most of the isolates belonged to the Phylum Firmicutes and Proteobacteria, converging with the results obtained and also more recent studies such as Ghosh and Bhadury (2019) and Sanz-Sáez (2020). The *Serratia liquefaciens* species is characterized by inhabiting different environments, such as sediment, water, and has already been found in marine organisms [37], in addition to being associated with the production of histamine that causes contamination in humans [38]. Therefore, given its presence in the microbiota of marine organisms, it is possible that it was carried and, therefore, was found in the bioaerosols collected in this study.

The biogeographical patterns of microorganisms are little known and are controlled by multiple factors (selection, drift, dispersion and mutation) [39]. When focusing on bioaerosols, the most important of them becomes dispersal, which may depend on the properties of each taxon such as initial abundance in the community of origin. The dispersion of bioaerosols is directly linked to the atmospheric dispersion capacity that works as a limiting factor, considering environmental variables such as the rate of UV radiation [40]. That is, the richness found in this work is directly associated with the ability of this rate to survive and adapt to dispersion in the atmospheric environment.

When we compare the characterization data with the sequencing data, it is possible to notice that there was an overlap of some genera, among them *Aspergillus* sp., *Cladosporium* sp., *Rhodotorula* sp. This overlap corresponds to approximately 48% of the samples that were characterized. Indicating that, despite the divergences between the samples that were

identified and gives greater security of genetic identification, the characterization is able to provide some significant idea of the local microbiota.

In addition, we also obtained a coincidence in the genera that were found according to each buoy when we compared the data obtained in relation to characterization and sequencing. In P1, P2 and P3, in both types of identification, it was possible to identify the genus *Aspergillus* sp., as well as *Rhodotorula* was identified in P2 in both identification methodologies.

Candida sp. is a pathogenic fungal genus in which some species are considered multiresistant pathogens [41] and have already been found in the marine environment forming association with sponges [42] after the discharge of effluents at the site [43] opening up the possibility of human interference in the aerial microbiome of the study area.

Curvularia sp. is considered a genus of worldwide distribution and some species have already been found in aquatic environments and in the air [44,45], however it is widely known to be a pathogenic fungus among different species of animals and plants, including humans. It is worth noting that this genus, in addition to being cosmopolitan, has been described through the recent discovery of new species [46] and may in the future become a risk in view of its pathogenic capacity and its identification in the study area.

Yeasts of the genus *Cystobasidium* sp. were recently found in association with marine animals such as sponges [42] and also attached to thermal insulation boards present in marine environments [47], that is, these yeasts are present in the marine air close, at least, to the region of the North Atlantic Ocean and North Pacific.

Exophiala dermatitidis is a fungal species that is associated with skin and lung infections. Organisms of this genus are present in different types of environments and have the ability to withstand extreme conditions such as high temperatures or salinity and variable pH [48,49]. In addition, this organism is often found in tropical regions, natural conditions that are consistent with the study area, justifying its occurrence and bringing the problem of pathogenic organisms overlapping in relation to others due to changes in climatic conditions such as increased temperature [50].

As far as it is known in the publication of this study, it is the first time that *Neotestudina* sp. in a marine environment, especially in the air of the study region (12°N and 15°N). Bearing in mind that this genus can be isolated from soils in tropical regions [51] and has historically been associated with skin diseases [52 – 54], it is suggested that its transport from land to marine aerosols is due to human influence in the study area, probably through the maritime flow of vessels, modifying the local microbiota. Another important point is that this species was only found in the 2022 collection, suggesting that its presence is seasonal, or that climate

anomalies may be associated with changes in the microbiota of the area, since, in 2020, another species of the same genus also was found for the first time in soil samples in Nigeria [51].

Penicillium sp. is a genus widely studied in the literature and, consequently, already isolated several times from the marine environment, as a recent example, it was found in seawater, macroalgae and tree trunks resulting in 16 different species of *Penicillium* sp. isolated beyond the description of a new species [55]. This genus was also found in several urban and coastal regions and is considered a pollutant in the region's aerosols, which may indicate, with its presence in the study area, that the air quality needs to be better evaluated [56].

As for the genus *Pestalotiopsis* sp. it is known how this is present in mangrove environments and is currently shown to be an advancing tool for biotechnology research since endophytic fungi are prolific resources for secondary bioactive metabolites and, as a result of its structural complexity, this genus has proven to be efficient [57,58]. With that, several studies bring the research and identification of new species of this genus, which encourages the possibility of using this isolate for future biotechnological tests [59].

Preussia sp., like other genera found, is used in biotechnology both due to its anti-inflammatory effects and in enhancing the growth of agricultural products [60,61]. Therefore, like *Pestalotiopsis* sp., it results in a new possibility of obtaining biotechnological products. *Rhodotorula sphaerocarpa* is a species of a fungal genus marked by being associated with human pathogens and is easily present in the environment. Studies indicate that this species increases its respiration in environments with higher temperature values and even though its reproduction is dependent on this environmental variable [62]. In addition, authors indicate that species of this genus, derived from marine water samples, may present biotechnological activity as antioxidants and bioconverter of marine residues, allowing once again the use of isolates obtained as possible biotechnological products [63,64].

It is necessary to emphasize how, within this richness found throughout the TNA, the most significant part of the results suggest microorganisms that are associated with the presence and actions of human beings. That is, in addition to the indirect anthropic impact associated with the increase in emissions of global warming gases, such as carbon dioxide, and how these interfere both in environmental variables that interfere in the local microbiota and in the reproduction and viability of microorganisms, there is also the impact direct that occurs through the ship traffic that historically occurs in the area and that directly deposits exotic species in the region, altering the microbiome of the area.

Microorganisms are directly impacted by different environmental variables (air temperature, wind speed, UV radiation, etc.) that control both the survival and permanence as well as the ability to reproduce and viability of microbiological spores, which varies according to each species [65].

With that, we have the association between the fungal diversity found and the climatic parameters, where according to the means and distributions found (Figure 2), it is possible to notice differences in the values of the two years collected ($p < 0.05$), these significant differences of abiotic data can influence and result in changes in the microbiota present in the study area. The average temperature in 2017 was 28.5°C, while in 2022 it was 25.3°C. Initially, it was expected that this difference could represent a possible greater fungal diversity, since high temperatures are generally associated with the reproduction of microorganisms, however, the sample that presented the greatest diversity was that of 2022 (9 different identifications) in which, despite the average being lower, presented much more homogeneous values ($sd = 0.44$), different from the first sample ($sd = 4.03$). The Relative Humidity of the Air values were also higher and more homogeneous in the 2022 collections, agreeing with the diversity results, since due to the atmospheric water vapor being absorbed by the particles, weight gain is favored and consequently the gravitational deposition of the particles, making it possible, through the collection of spontaneous sedimentation, to obtain a greater number of isolates and, consequently, fungal diversity. The wind speed in the year 2022 was more intense, which also corroborates the greater diversity found in this year. Taking into account the importance that winds have in the formation of bioaerosols through the bursting of bubbles in the oceanic surface microlayer, therefore, higher values of wind speed may be associated with the generation of more particles of microorganisms present in the ocean and, consequently, a greater diversity.

The availability of long-term data from satellites and models allowed an assessment of SST and wind conditions for November 2017 and June 2022 (Figure 3). The maps of SST anomalies indicate that in 2017 the temperatures were slightly below average (weak negative anomalies), and in 2022 the same region had above-average temperature values (positive anomaly).

When the SST was above the climatological average in 2022, the diversity was greater, highlighting a possible relationship between the two variables. Therefore, when we group these data, the SST may significantly influence the microbiological diversity more than the air temperature, considering the diversity data and its relationship with the meteoceanographic data.

The results represent the existing microbiota in the TNA ocean but admit the limitations of culture and microbiological survival.

CONCLUSION

Different microbiological taxonomic groups were present in the air of the tropical North Atlantic Ocean, among them a great variety of fungi and bacteria, corresponding to nine and five types, respectively. These findings shed light on the airborne microbiome present in the study area, as well as the possibility of studying the origin and fate of these microorganisms. A considerable part of the microorganisms found are associated with human pathogens or related to anthropic actions, evidencing possible impacts of human actions in the region since changes in microbiomes can lead to serious changes in the entire food chain of ecosystems.

It is also noteworthy that the results show the need for regional studies to obtain complete data that can compile quantifications and non-cultivable diversities, given the importance of microorganisms for different biogeochemical cycles and, therefore, their global relevance. Finally, these studies have been carried out and continued in search of a complete volume of data by the production team of this work.

Acknowledgments

The first author G.M. thanks to National Council for the Improvement of Higher Education (CAPES)

O. V. S. is grateful to the Brazilian Navy and the Prediction and Research Moored Array in the Tropical Atlantic Program (PIRATA) and CNPq by the fellowship of research productivity(PQ2: 316342/2021-1)

D. V. is grateful to Brazilian National Research Council (CNPq) Research Fellowship PQ2, under the project "Teleconnections between pacific and Atlantic: impacts on climate variability in South America," Grant number: 314879/2020-0, and the TRIATLAS project, which has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation program under grant Agreement Number 817578.

REFERENCES

1. Pady, S. M.; Kapica L. Fungi in Air Over the Atlantic Ocean. *Mycologia* **1955**, 47, 34-50. <https://doi.org/10.2307/3755754>
2. Pady, S. M.; Kelly, C. D. Aerobiological studies of fungi and bacteria over the Atlantic Ocean, *Canadian Journal of Botany* **1954**, 32, 202-212. <https://doi.org/10.1139/b54-018>
3. Seifried, J. S.; Wichels, A.; Gerdt, G. Spatial distribution of marine airborne bacterial communities. *Microbiology Open* **2015**, 4, 475-490. doi: 10.1002/mbo3.253
4. Alves, C.A. Química entre a microcamada superficial oceânica e os aerossóis marinhos. *Química Nova* **2014**, 37, 1382-1400. <https://doi.org/10.5935/0100-4042.20140223>
5. Cho, B.C.; Hwang, C.Y. Prokaryotic abundance and 16S rRNA gene sequences detected in marine aerosols on the East Sea (Korea). *FEMS Microbiology Ecology*, **2011**, 76, p.327-341. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2011.01053.x>
6. Nowoisky, J. Fröhlich Burrows, S. M., Xie, Z., Engling, G. *et al.*, Biogeography in the air: fungal diversity over land and oceans. *Biogeosciences* **2012**, 9, p.1125-1136. <https://doi.org/10.5194/bg-9-1125-2012>, 2012.
7. Yao, M. *Et Al.* Bioaerosol: A bridge and opportunity for many scientific research fields. *Journal of Aerosol Science* **2018**, 115, p. 108-112. 10.1016/j.jaerosci.2018.01.009.
8. Aller, J.Y. *et al.*,. The sea surface microlayer as a source of viral and bacterial enrichment in marine aerosols. *Journal Aerosol Science* **2005**, 36, p.801-812. <https://doi.org/10.1016/j.jaerosci.2004.10.012>.
9. Liss, P. S.; Duce, R. A. *The sea surface and global change*. Cambridge University Press: Cambridge, 1997.
10. Ceter, T. Effects of global-warming and climate-changes on atmospheric fungi spores distribution. *Communications Faculty of Science University of Ankara Series C Biology Geological Engineering and Geophysical Engineering* **2018**, 27, p.263-272. 10.1501/Commuc_0000000223.

11. Kowalski, M., Pastuszka, J. S. Effect of ambient air temperature and solar radiation on changes in bacterial and fungal aerosols concentration in the urban environment. *Ann Agric Environ Med.* **2018**, 25, p. 259-261. <https://doi.org/10.26444/aaem/75877>
12. Melo, a. B. C.; Cavalcanti, i. F. A.; Souza, p. P. Zona de convergência intertropical do Atlântico. In: Cavalcanti, I. F. A.; Ferreira, N. J.; Silva, M. G. A. J.; Dias, M. A. F. S. Tempo e clima no Brasil. São Paulo: Oficina de Textos, **2009**. p. 25-41
13. Pasquarella, C.; Pitzurra, O.; Savino, A. The index of microbial air contamination. *Journal of hospital infection* **2000**, 46, 241-256. DOI: 10.1053/jhin.2000.0820
14. Pasquarella C, Sansebastiano GE, Ferretti S, Sacconi E, Fanti M, Moscato U, Giannetti G, Fornia S, Cortellini P, Vitali P, Signorelli C. A mobile laminar airflow unit to reduce air bacterial contamination at surgical area in a conventionally ventilated operating theatre. *Journal of Hospital Infection* **2007**, 66, p.313-319. doi: 10.1016/j.jhin.2007.05.022.
15. Madigan, M. T. et al. *Microbiologia de Brock*. 12nd ed. Porto Alegre. Artmed, 2010.
16. Tortora, G. J. ; Funke, B. R.; Case, C. L. *Microbiologia*. 10nd ed. Porto Alegre: Artmed, 2012.
17. Staley, J. T. et al. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology: The Proteobacteria*. 2nd ed. Springer: New York, USA, 2005. <https://doi.org/10.1007/0-387-28022-7>
18. JR, W. *Koneman's Color Atlas and textbook of Diagnostic Microbiology*. 6th. ed. Lippincott Williams & Wilkins: Washington, USA, 2006.
19. Aamir, S. et al.; A rapid and efficient method of fungal genomic DNA extraction, suitable for PCR based molecular methods. *Plant Pathology & Quarantine* **2015**, 5 p.74–81. Doi 10.5943/ppq/5/2/6
20. Sendrasoa, Fandresena Arilala et al., Treatment responses in patients with chromoblastomycosis to itraconazole in Madagascar, *Medical Mycology* **2022**, 60. <https://doi.org/10.1093/mmy/myac086>

21. Samaddar, A. *et al.*, Pulmonary infection due to *Acrophialophora fusicarpa* in a patient with underlying mixed connective tissue disease and chronic pulmonary aspergillosis: A case report and review of literature, *J Mycol Med.*, **2020**, 30. DOI: 10.1016/j.mycmed.2020.100932
22. Ziaee A, Zia M, Goli M. Identification of saprophytic and allergenic fungi in indoor and outdoor environments. *Environ Monit Assess.* **2018**, 190, doi: 10.1007/s10661-018-6952-4.
23. Stanley, H. O; Ames, M. E., Air Quality Assessment of Port Harcourt Urban Slums and Health Implications, *International Journal of Pathogen Research* **2021**, 6, p. 50-57, DOI: 10.9734/ijpr/2021/v6i230159.
24. Leeuw, G. *et al.* Ocean–Atmosphere Interactions of Particles. In: *Ocean-Atmosphere Interactions of Gases and Particles*. 1st ed. LISS Peter, JOHNSON M.T. Springer. 2014. p. 172- 247. DOI:10.1007/978-3-642-25643-1_4
25. Zrnčić S. Microbial Diseases of Marine Organisms. *Journal of Marine Science and Engineering* **2022**, 10. <https://doi.org/10.3390/jmse10111682>
26. Aprill, A. Marine Animal Microbiomes: Toward Understanding Host–Microbiome Interactions in a Changing Ocean. *Front. Mar. Sci.* **2017**, 4. <https://doi.org/10.3389/fmars.2017.00222>
27. Wang, Y.; Yang, X.; Li, Y.; Wang, B.; Shi, T. The Genus *Chrysosporium*: A Potential Producer of Natural Products. *Fermentation* **2023**, 9, 76. <https://doi.org/10.3390/fermentation9010076>
28. Yang Z, Shi Y, Wang J, Wang L, Li X, Zhang D. Unique functional responses of fungal communities to various environments in the mangroves of the Maowei Sea in Guangxi, China. *Mar Pollut Bull.* **2021**, 173 doi: 10.1016/j.marpolbul.2021.113091. Epub 2021 Oct 26. PMID: 34715434.
29. Olsen, Y., Airborne *Cladosporium* and *Alternaria* spore concentrations through 26 years in Copenhagen, Denmark, *Aerobiologia* **2019**, 36, p. 141 – 157. DOI:10.1007/s10453-019-09618-7
30. Grinn-Gofroń, A., Nowosad, J., Bosiacka, B., Camacho, I., Pashley, C., Belmonte, J., De Linares, C., Ianovici, N., Manzano, J. M. M., Sadyś, M., Skjøth, C., Rodinkova, V., Tormo-Molina, R., Vokou, D., Fernández-Rodríguez, S., & Damialis, A. Airborne *Alternaria* and *Cladosporium* fungal spores in Europe: Forecasting possibilities and relationships with

meteorological parameters, *The Science of the total environment* **2019**, 653, p. 938-946. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2018.10.419

31. Pearce D., Bridge P., Hughes K, Sattler B, Psenner R, Russell N, Microorganisms in the atmosphere over Antarctica. *FEMS Microbiology Ecology* **2009**, 69, p. 143-157. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2009.00706.x>

32. Damialis, A., Kaimakamis, E., Konoglou, M. *et al.* Estimating the abundance of airborne pollen and fungal spores at variable elevations using an aircraft: how high can they fly? *Scientific Reports* **2017**, 7. doi: 10.1038/srep44535

33. KLEIN, Julia. Role of Pde2 in the CO₂ Sensing during Fruiting in *Schizophyllum commune*. Holanda: 2022 (relatório técnico).

34. Sanz-Sáez, I., Salazar, G., Sánchez, P. *et al.* Diversity and distribution of marine heterotrophic bacteria from a large culture collection. *BMC Microbiology* **2020**, 20. <https://doi.org/10.1186/s12866-020-01884-7>

35. Ghosh, A., Bhadury, P. Exploring biogeographic patterns of bacterioplankton communities across global estuaries. *Microbiology Open* **2019**, 8. <https://doi.org/10.1002/mbo3.741>

36. Urbano R., Palenik B., Gaston C.J., Prather K. A. Detection and phylogenetic analysis of coastal bioaerosols using culture dependent and independent techniques. *Biogeosciences*, **2011**, 8, p. 301-309. <https://doi.org/10.5194/bg-8-301-2011>

37. Begrem S, Jérôme M , Leroi F, Delbarre-Ladrat C, Grovel O, Passerini D, Genomic diversity of *Serratia proteamaculans* and *Serratia liquefaciens* predominant in seafood products and spoilage potential analyses, *International Journal of Food Microbiology* **2021**, 354. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109326>

38. Oktariani, A.F.; Ramona, Y.; Sudaryatma, P.E.; Dewi, I.A.M.M.; Shetty, K. Role of Marine Bacterial Contaminants in Histamine Formation in Seafood Products: A Review. *Microorganisms* **2022**, 10, 1197. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10061197>

39. Hanson, C; Fuhrman J; Horner-Devine C; Martiny J, Beyond biogeographic patterns: processes shaping the microbial landscape. *Nature Reviews Microbiology* **2012**, 10, p 497–506. DOI:10.1038/nrmicro2795

40. Šantl-Temkiv T, Sikoparija B, Maki T, Carotenuto F, Amato P, *et al.* Bioaerosol field measurements: Challenges and perspectives in outdoor studies. *Aerosol Science and Technology* **2020**, 54, p.520-546. 10.1080/02786826.2019.1676395.
41. Dadar M, Tiwari R, Karthik K, Chakraborty S, Shahali Y, Dhama K., *Candida albicans* - Biology, molecular characterization, pathogenicity, and advances in diagnosis and control – An update. *Microbial Pathogenesis* **2018**, 117, p. 128–138. DOI: 10.1016/j.micpath.2018.02.028
42. Kaewkrajay, C., Putchakarn, S. & Limtong, S. Cultivable yeasts associated with marine sponges in the Gulf of Thailand, South China Sea. *Antonie van Leeuwenhoek* **2021**, 114, p. 253–274. DOI: 10.1007/s10482-021-01518-6
43. Michalska, M.; Kurpas, M.; Zorena, K.; Wąż, P.; Marks, R. Mold and Yeast-Like Fungi in the Seaside Air of the Gulf of Gdańsk (Southern Baltic) after an Emergency Disposal of Raw Sewage. *J. Fungi* **2021**, 7, 219. <https://doi.org/10.3390/jof7030219>
44. Manamgoda, Ds, Rossman Ay, Castlebury L, Chukeatirote E, Hyde K, A taxonomic and phylogenetic re-appraisal of the genus *Curvularia* (Pleosporaceae): human and plant pathogens. *Phytotaxa* **2015**, 212, p. 175– 198. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.212.3.1>
45. Verma P, Singh S, Singh R, Seven species of *Curvularia* isolated from three lakes of Bhopal. *Adv Life Sci Technol* **2013**, 8, p. 13–15.
46. Marin-Felix, Y., Hernández-Restrepo, M., Crous, P.W. Multi-locus phylogeny of the genus *Curvularia* and description of ten new species. *Mycol Progress* **2020**, 19, p. 559–588. <https://doi.org/10.1007/s11557-020-01576-6>
47. Parracha, J.L., Borsoi, G., Veiga, R., Flores-Colen, I., Nunes, L., Viegas, C.A., Moreira, L.M., Dionísio, A., Glória Gomes, M., Faria, P., Durability assessment of external thermal insulation composite systems in urban and maritime environments, *Science of The Total Environment* **2022**, 849. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2022.157828
48. Babič M, Zupancic J, Gunde-cimerman N, Hoog S. Ecology of the Human Opportunistic Black Yeast *Exophiala dermatitidis* Indicates Preference for Human-Made Habitats. *Mycopathologia* **2018**, 183, p.201–212. DOI:10.1007/s11046-017-0134-8
49. Yazdanparast S, Mohseni S, Hoog G, Aslani N, Sadeh A, Badali H, Consistent high prevalence of *Exophiala dermatitidis*, a neurotropic opportunist, on railway sleepers. *J Mycol Med.* **2017**, 27, p. 180–187. doi: 10.1016/j.mycmed.2017.01.007.

50. Thitla T, Kumla J, Khuna S, Lumyong S, Suwannarach N. First Report of Environmental Isolation of *Exophiala* spp. in Malaysia. *Curr Microbiol.* **2020**; 77, p. 2915–2924. doi: 10.1007/s00284-020-02109-w.
51. Ezekiel C, Kraak B, Sandoval-Denis M, Sulyok M, Oyedele OA, Ayeni K, Makinde O, Akinyemi O, Krska R, Crous P, Houbraken J. Diversity and toxigenicity of fungi and description of *Fusarium madaense* sp. nov. from cereals, legumes and soils in north-central Nigeria. *MycoKeys.* **2020**; 67, p. 95-124. doi: <https://doi.org/10.3897/mycokeys.67.52716>.
52. Segretain G, Destombes P. Description of a new agent for maduromycosis, *Neotestudina rosatii*, n. gen., n. sp., isolated in Africa. *CR Hebd Seances Acad Sci.* **1961**; 253, p. 2577–2579.
53. Baylet R, Camain R, Chabal J, Izarn R. (1968) Recent contribution to the study of mycetoma in Senegal. *Neotestudina rosatii*, *Pyrenochaeta romeroi*, *Aspergillus nidulans*. *Bulletin of the French-speaking Black African Medical Society.* **1968**, 13, p.311–313.
54. Destombes P, Mariat F, Rosati L, Segretain G. () Mycetoma in Somalia – results of a survey done from 1959 to 1964. *Acta Tropica.* **1977**, 34, p. 355–373.
55. Gonçalves MFM, Santos L, Silva BMV, Abreu AC, Vicente TFL, Esteves AC, Alves A. *et al.*, Biodiversity of *Penicillium* species from marine environments in Portugal and description of *Penicillium lusitanum* sp. nov., a novel species isolated from sea water, *Int J Syst Evol Microbiol* **2019**, 69, p. 3014-3021. doi: 10.1099/ijsem.0.003535
56. Stanley, H. O; Amesi, M. E., Air Quality Assessment of Port Harcourt Urban Slums and Health Implications, *International Journal of Pathogen Research* **2021**, 6, p. 50-57. <https://doi.org/10.9734/ijpr/2021/v6i230159>.
57. Xu Z, Wu X, Li G, Feng Z, Xu J., Pestalotiopsis B, a new isocoumarin derivative from the mangrove endophytic fungus *Pestalotiopsis* sp. HHL101, *Natural Product Research* **2019**. p. 1002-1007. doi: 10.1080/14786419.2018.1539980.
58. Zhou, Jing; Zheng, Dong-Yao; XU, Jing, Two new polyketides from endophytic fungus *Pestalotiopsis* sp. HQD-6 isolated from the Chinese mangrove plant *Rhizophora mucronata*, *Journal of Asian Natural Products Research* **2021**, 24, p. 52-58, <https://doi.org/10.1080/10286020.2021.1877674>.
59. Wu, C.; Wang, Y.; Yang, Y. *Pestalotiopsis* Diversity: Species, Dispositions, Secondary Metabolites, and Bioactivities. *Molecules* **2022**, 27, 8088. <https://doi.org/10.3390/molecules27228088>

60. Khadija A, Shahzad R, Khan A, Imran Q, *et al.*, *Preussia* sp. BSL-10 producing nitric oxide, gibberellins, and indole acetic acid and improving rice plant growth, *Journal of Plant Interactions* **2018**, 13, p. 112 - 118. DOI:10.1080/17429145.2018.1432773

61. Youn U, Seo S, Yim J, Kim C, Han S , Chemical constituents from the culture filtrate of a Himalayan soil fungus, *Preussia* sp. and their anti-inflammatory activity, *The Korean Journal of Microbiology* **2018**, 54, 1, p. 18–23. <https://doi.org/10.7845/kjm.2018.7085>

62. Heitger, M.; Baltar, F. Respiration, Production, and Growth Efficiency of Marine Pelagic Fungal Isolates. *J. Fungi* **2023**, 9, 417. <https://doi.org/10.3390/jof9040417>

63. Sarkar A, Philip A, Thakker D, Wagh M, *et al.*, *In vitro* Antioxidant activity of extracellular L-glutaminase enzyme isolated from marine yeast *Rhodotorula* sp. DAMB1. *Research J. Pharm. and Tech.* **2020**; 13, p.209-215. doi: 10.5958/0974-360X.2020.00042.6

64. Miranda AF, Nham Tran TL, Abramov T, Jehalee F, Miglani M, Liu Z, Rochfort S, Gupta A, Cheirsilp B, Adhikari B, Puri M, Mouradov A., Marine Protists and *Rhodotorula* Yeast as Bio-Convertors of Marine Waste into Nutrient-Rich Deposits for Mangrove Ecosystems, *Protist* **2020**, 171. <https://doi.org/10.1016/j.protis.2020.125738>.

65. Martinez-Bracero, M.; Markey, E.; Clancy, J.H.; McGillicuddy, E.J.; Sewell, G.; O'Connor, D.J. Airborne Fungal Spore Review, New Advances and Automatisation. *Atmosphere* **2022**, 13, 308. <https://doi.org/10.3390/atmos13020308>