



**XXXII Encontro
de Jovens
Pesquisadores**

e XIV Mostra Acadêmica
de Inovação e Tecnologia



TAXONOMIA DE AMOSTRAS MICROBIOLÓGICAS AMBIENTAIS E AS LIMITAÇÕES DOS BANCOS DE DADOS DISPONÍVEIS PARA ESTA CARACTERIZAÇÃO

Igor Vinicius Machado Sophiatti (PIBIC-CNPq), Valdirene Camatti Sartori, Flaviane Magrini, Suelen Osmarina Paesi (Orientador(a))

Os avanços tecnológicos vêm revolucionando a maneira de compreender microbiomas de diferentes ambientes e substratos. Uma ferramenta para essas descobertas é o sequenciamento de DNA e metataxonômia. Entender o papel da microbiota é fundamental, uma vez que essa composição de organismos tem impacto na fertilidade dos solos, na ciclagem de nutrientes das plantas, na composição atmosférica, refletindo-se diretamente na vida e economia humana. O presente estudo buscou avaliar a eficiência do sequenciamento de regiões dos genes 16S rRNA e 18S rRNA para a atribuição de taxonomia dos microrganismos de amostras ambientais e as limitações dos bancos de dados disponíveis para a caracterização. Foi realizado sequenciamento de nova geração de amostras de DNA extraídos de serapilheira de diferentes regiões como alvo. Para identificação das bactérias, foram utilizados primers 341F e 806F para as regiões V3 -V4 do gene 16S rRNA. A identificação dos fungos foi conduzida a partir da amplificação com primers ITS1 e ITS2 do gene 18S rRNA. Ambas as amostras tiveram seu DNA sequenciado por meio da plataforma *Illumina MiSeq*. Após o processamento das sequências, a anotação taxonômica foi efetuada com o banco público de dados SILVA. Os resultados das análises taxonômicas mostraram mais de 140 gêneros bacterianos, dentre eles, *Bradyrhizobium* (8,45%), *Candidatus Udaeobacter* (4,32%), *Candidatus Solibacter* (2,85%), *Acidothrmus* (1,54%) e *Acidibacter* (1,53%). Nesta amostra, houve presença de 26,85% de microrganismos não-cultivados além de 14,75% de sequências que não foram possíveis de identificar. Os gêneros fúngicos predominantes detectados foram *Paraphaeosphaeria* (1,09%), *Myrothecium* (0,92%) e *Cladosporium* (0,19%). Em nível de filo foram observados 26,2% de Ascomycota, e 0,02% de Basidiomycota. Para a amostra de fungos, o número de sequências sem atribuições taxonômicas alcançou 97%, indicando que o banco de dados utilizado possui, grande limitação para identificação deste tipo de amostra. Embora tenha sido identificado uma riqueza significativa de diversidade, em especial na amostra bacteriana, a presença de uma parcela substancial de sequências não identificadas ressalta as limitações dos bancos de dados públicos para caracterização de amostras ambientais. Diante disto, destaca-se a importância de aprimorar os bancos de dados a fim de maximizar a compreensão da microbiota de diferentes ambientes.

Palavras-chave: metataxonômia, sequenciamento de nova geração, amostras ambientais

Apoio: UCS, CNPq