



PIBIC CNPq

### Taxonomia de amostras microbiológicas ambientais e as limitações dos bancos de dados disponíveis para esta caracterização

#### Biohidrogênio III

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

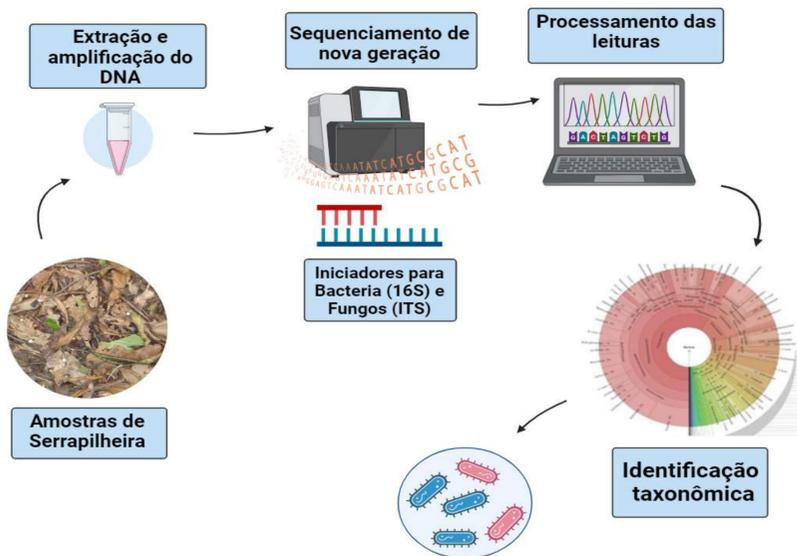


## INTRODUÇÃO / OBJETIVO

Os avanços tecnológicos vêm revolucionando a maneira de compreender microbiomas de diferentes ambientes e substratos. 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. Uma ferramenta crucial para essas descobertas é o sequenciamento de DNA por metagenômica e metataxonômica para identificar os microrganismos presentes nessas amostras. O presente estudo buscou avaliar a eficiência do sequenciamento de regiões dos genes 16S rRNA e 18S rRNA para a atribuição de taxonomia de amostras ambientais e as limitações dos bancos de dados disponíveis para esta caracterização.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foi realizado sequenciamento de amostras de DNA extraídos de serrapilheira 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. A anotação taxonômica foi efetuada com o banco de dados SILVA, um dos mais utilizados em artigos científicos.



## RESULTADOS

Para a amostra de fungos, o número de sequências sem atribuições taxonômicas alcançou 97%. Com base nisso, para facilitar a visualização das porcentagens dos dados, sequências não identificadas foram excluídas dos gráficos de diversidade das amostras sequenciadas de ITS. Os gêneros fúngicos predominantes detectados foram *Paraphaeosphaeria* (41,4%), *Myrothecium* (34,9%) e *Cladosporium* (7,46%) (Fig 2). A nível de filo foram observados 95,6% de Ascomycota, e 1,07% de Basidiomycota (Fig 3).

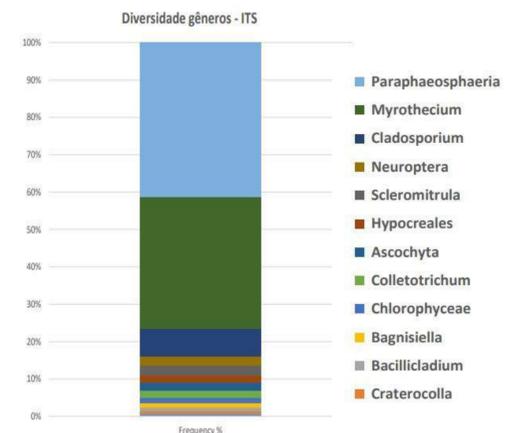


Figura 2: Diversidade de gêneros identificados a partir do gene RNAr18S ITS

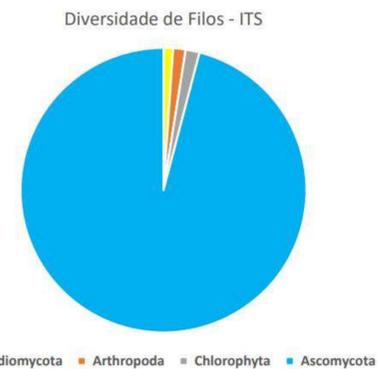


Figura 3: Diversidade de filios identificados a partir do gene RNAr18S ITS

## RESULTADOS

Os resultados das análises taxonômicas mostraram mais de 140 gêneros bacterianos, dentre eles, *Bradyrhizobium* (8,45), *Candidatus Udaeobacter* (4,32%), *Candidatus Solibacter* (2,85%), *Acidotherrmus* (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 (Fig 1).

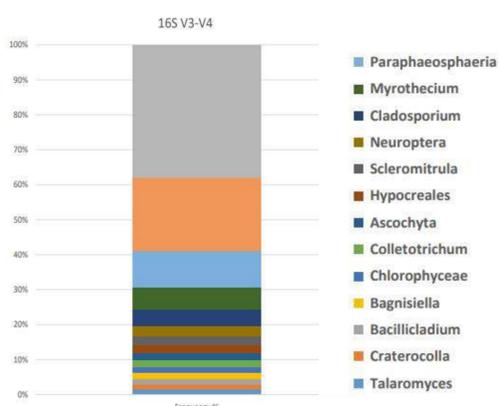


Figura 1: Diversidade de gêneros identificados a partir do gene RNAr16S

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

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.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Li Y, Jing Z, Pan J, et al (2022) Multi-omics joint analysis of the effect of temperature on microbial communities, metabolism, and genetics in full-scale biogas reactors with food waste. *Renew Sustain Energy Rev* 160:112261.
- Hötzel MJ, Vandresen B (2022) Brazilians' attitudes to meat consumption and production: Present and future challenges to the sustainability of the meat industry. *Meat Sci* 192:.
- Aragão A, Contini E (2021) O Agro No Brasil E No Mundo: Uma Síntese Do Período De 2000 a 2020. Embrapa SIRE 1–11