

## ANÁLISE METAGENÔMICA DO FILO *PROTEOBACTERIA* EM SOLO SOB APLICAÇÃO DE ATRAZINA

**BAVARESCO, Ramir Junior**<sup>1</sup> ([ramirbjunior@gmail.com](mailto:ramirbjunior@gmail.com)); **PEREIRA, Rodrigo Matheus**<sup>2</sup> ([rodrigopereira@ufgd.edu.br](mailto:rodrigopereira@ufgd.edu.br)).

<sup>1</sup> Discente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados; PIVIC/UFOD;

<sup>2</sup> Docente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados.

O solo representa um dos ambientes de maior diversidade de microrganismos do planeta, sendo uma fonte representativa de recursos inexplorados na obtenção de produtos naturais com potencial para aplicação em todas as áreas da biotecnologia, desde aplicações na saúde à agricultura. Apesar da rica diversidade microbiana, apenas 1% dos microrganismos presentes no solo são cultiváveis através do método tradicional de isolamento. A metagenômica tem sido utilizada como ferramenta para investigação desses microrganismos com base em material genético extraído de amostras do ambiente. O solo é um dos principais destinos de agrotóxicos, afetando assim a dinâmica no meio ambiente, pois não atinge apenas o organismo alvo, mas todo o ambiente. O objetivo deste trabalho foi realizar uma análise metagenômica de um solo sob tratamento com atrazina. Três amostras foram coletadas de uma área de 2m<sup>2</sup> a 15cm de profundidade, misturou-se as amostras para obtenção de uma amostra representativa. Posterior a amostragem, o solo foi separado e tratado. Durante 1 mês metade das amostras de solo foram enriquecidas com solução salina e a outra metade recebeu atrazina. Ao final de um mês, extraiu-se o DNA em triplicata das amostras tratadas e das amostras de controle utilizando o *PowerSoil® DNA Isolation Kit* (MOBIO). Verificou-se a qualidade e concentração do material extraído e sequenciou esse material utilizando a plataforma de sequenciamento *Ion Torrent PGM Hi-Q* na UNESP – Jaboticabal/SP. Os arquivos gerados no sequenciamento foram unificados para processamento seguindo o protocolo de identificação de perfil taxonômico baseado no rDNA 16S, fornecido pelo BMP (*Brazilian Microbiome Project*). Através dessa análise foi possível identificar 232 OTUs distribuídas em 18 filos, sendo *Proteobacteria*, o filo mais abundante tanto na amostra com tratamento de atrazina quanto na amostra controle. O objetivo geral do trabalho foi alcançado, entretanto, no primeiro momento não foi possível afirmar que houve diferença entre as amostras, pois as análises estatísticas ainda precisam ser realizadas para confirmar se houve variações significativas. Além disso, o protocolo utilizado para análise desses dados pode ter influenciado nos resultados, devido ao rigor de alguns *scripts* da *pipeline*.

**Palavra-chave:** Bioinformática. Microrganismo. Agrotóxico.

**Agradecimentos:** Ao Programa de Bolsa Permanência da UFGD e ao FUNDECT.