

PESQUISA - FCBA

ANÁLISE DA DIVERSIDADE DE ARQUEAS EM SOLOS DE MATA NATIVA E PLANTIO CONVENCIONAL

Lucas Gimes Costa (lucas.gimenescosta@gmail.com)

Kauanny Wictoria Plenz (kakawictoria8@gmail.com)

Eloá Martins Egea (martinsegeaeloa@gmail.com)

Maricy Raquel Lindenbah Bonfá (maricybonfa@ufgd.edu.br)

Rodrigo Matheus Pereira (rodrigopereira@gmail.com)

As arqueas são organismos procariontes que datam de aproximadamente 2,5 bilhões de anos e são consideradas um dos primeiros seres vivos no planeta Terra. Enquanto a mata nativa oferece condições que favorecem a diversidade e o equilíbrio das populações de arqueas e outros microrganismos, o plantio convencional tende a impactar negativamente essas comunidades, comprometendo o papel desses organismos nos ciclos naturais. As arqueas possuem habilidade de sobreviver em ambientes extremos e desempenhar funções essenciais. O objetivo deste estudo foi analisar a quantidade de arqueas presente em cada amostra em nível de filo e de espécie através da comparação do DNA da microbiota de duas amostras de solo, uma proveniente de mata nativa e outra de uma área de plantio convencional. O DNA da microbiota das amostras de solo foi extraído e sequenciado para análise metagenômica em um sequenciador Illumina. O primeiro passo após o sequenciamento foi submeter as sequências ao programa FastQC, que avaliou

a qualidade do sequenciamento do DNA, garantindo a confiabilidade dos dados. Em seguida, utilizou-se o Prinseq-lite para filtrar as leituras de baixa qualidade, removendo sequências que poderiam comprometer a análise. O FragGeneScan foi então aplicado para prever regiões codificadoras de proteínas, facilitando a identificação de genes nas amostras. Após isso, o software Diamond foi utilizado para realizar o alinhamento local das sequências em busca de mais similares no banco de dados Plabase. O Megan6 permitiu a identificação das sequências taxonomicamente, fornecendo uma visão detalhada da composição microbiana de cada amostra. Finalmente, o InteractiVenn foi empregado para identificar as espécies em comum entre as duas amostras de solo, traçando um panorama das semelhanças e diferenças entre os ecossistemas analisados. Os dois solos analisados apresentaram semelhanças e diferenças significativas em termos de composição microbiana. Em relação ao filo, foram identificados sete filos em comum, sendo o Thaumarchaeota o filo predominante em ambos os solos. Este filo é composto por microrganismos conhecidos por oxidarem amônia, desempenhando papéis fundamentais em ciclos bioquímicos, como o ciclo do nitrogênio. No entanto, a mata nativa apresentou três filos únicos, com predominância do Candidatus Lokiarchaeota, enquanto o solo de plantio convencional revelou seis filos únicos, predominando o Candidatus Marsarchaeota. Quando analisadas as espécies, foram observadas 20 espécies comuns entre os dois solos. Notou-se uma maior presença de arqueas no plantio convencional, com destaque para a predominância da Thaumarchaeota archaeon, sugerindo que o plantio convencional possivelmente favoreceu o crescimento dessa espécie de procarioto.

AGRADECIMENTOS: à Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD)

Palavras-chave: metagenômica; bioinformática; microbiologia.