



XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

Evento	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2023
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Comparação taxonômica e funcional de bactérias marinhas e dulcícolas através de metagenômica
Autor	NÁTALI KEGLER PIVATO GONÇALVES
Orientador	NG HAIG THEY

COMPARAÇÃO TAXONÔMICA E FUNCIONAL DE BACTÉRIAS MARINHAS E DULCÍCOLAS ATRAVÉS DE METAGENÔMICA

Nátali Kegler Pivato Gonçalves (Bolsista BIC UFRGS 2022-2023)
Prof. Ng Haig They (Orientador)

Justificativa: A salinidade determina a composição taxonômica de comunidades bacterianas, havendo grupos típicos de água doce e salgada. Além disso, existe um gradiente de atividade ao longo dessa variável, com bactérias dulcícolas geralmente mais ativas que salinas. Com o sequenciamento genético é possível acessar a diversidade funcional desses organismos e investigar se a ocorrência desse fenômeno decorre de uma diferença genotípica entre comunidades bacterianas de diferentes salinidades ou de fatores extrínsecos como a natural covariação inversa entre salinidade e nutrientes. **Objetivo:** Verificar se existem diferenças na composição de filos bacterianos e de genes funcionais entre comunidades bacterianas dulcícolas e salinas de banco de dados de metagenômica. **Metodologia:** Foram selecionadas amostras do banco de dados Mgnify utilizando a Interface de Programação de Aplicações no RStudio. Os critérios de seleção foram profundidade <5m, tipo de sequenciamento (*shotgun* e *amplicon*), coordenadas geográficas e frequência relativa de sequências de bactérias $\geq 0,70$. As informações taxonômicas e funcionais foram baixadas e testada a existência de diferenças entre amostras considerando os fatores salinidade e continente (América do Norte, Europa e Ásia). Os padrões foram analisados através de Análise de Componentes Principais (PCA). **Resultados:** A PERMANOVA indicou diferença entre salinidades (filos $P = 0,001$; genes $P = 0,006$) e entre continentes houve apenas diferença funcional entre América do Norte e Ásia ($P = 0,006$). As amostras dulcícolas tiveram maior variabilidade taxonômica e apresentaram mais representatividade de Actinobacteria e Betaproteobacteria. Já as salinas apresentaram maior variabilidade funcional e presença marcante de Gamaproteobacteria. Houve maior ocorrência dos genes de “atividade de molécula estrutural” e de “Atividade de nucleotidiltransferase” nas amostras marinhas da Ásia e AmNorte. **Conclusão:** os resultados suportam um contraponto à hipótese de que o gradiente de atividade bacteriana se dá somente por fatores extrínsecos.
