

LEVANTAMENTO DA DIVERSIDADE MICROBIANA DO PARQUE NACIONAL DA CHAPADA DOS VEADEIROS – GO

Yasmin Vieira Barros¹, Gustavo Antônio Ribeiro Souza¹, Elisa Catão², Ricardo Henrique Kruger³, Fabyano Alvares Cardoso Lopes¹

¹Universidade Federal do Tocantins, Brasil *yasmin.vieira@uft.edu.br ² Université de Toulon, França

³Universidade de Brasília, Brasil

O Parque Nacional da Chapada dos Veadeiros (PNCV), localizado em Alto Paraíso (GO), possui em sua área total diversas fitofisionomias do bioma Cerrado. A defasagem de estudos de microrganismos não cultiváveis em laboratório limita o conhecimento da diversidade e de suas potenciais funções relacionadas ao meio ambiente e à saúde humana. Com o surgimento de novas ferramentas, análises da diversidade microbiana do Cerrado aumentaram e estudos genômicos de microrganismos não cultivados permitem investigar todo o DNA ambiental presente em uma amostra. Frente ao exposto, o presente trabalho tem como objetivo caracterizar funcional e taxonomicamente a microbiota do solo do PNCV. As amostras de solo foram coletadas nas fitofisionomias Cerrado rupestre, Mata de galeria, Campo sujo e Cerrado *sensu stricto*. A extração de DNA das amostras de solo foi realizada utilizando o QIAGEN Power Soil Kit. O pirosequenciamento 454 das amostras foi realizado na MacroGen Inc. As sequências foram inicialmente convertidas de arquivos FASTA/QUAL para arquivos FASTQ no sistema operacional Linux Ubuntu v. 22.04. A qualidade das leituras foi observada através do software FastQC v. 0.12.0. Para realização do controle de qualidade das sequências foi utilizado o BBDuk v. 38.87 com os seguintes parâmetros: trimq=25; minlen=75; maq=25; qtrim=rl; tpe; tbo. Após a limpeza, as sequências foram levadas para a plataforma online MG-RAST v. 4.0.4 para atribuições taxonômicas, sendo contrastadas com os bancos de dados M5nr e M5rna. Os resultados demonstraram uma predominância do domínio Bacteria no solo das fitofisionomias, sendo 98,3% das sequências nas quatro amostras, com Eukaryota em segundo lugar (0,8%). O principal filo foi Proteobacteria, com abundância média de 41,4% nas amostras. Entre as classes, destaca-se Actinobacteria, com abundância média de 32,9% nas quatro amostras. Encontrou-se que os genes mais contabilizados foram relacionados ao metabolismo dos microrganismos com abundância de 47,4% nas amostras. A função de processos celulares e sinalização teve abundância relativa de 20,5%. A atividade enzimática das desidrogenases foi menos abundante na amostra de cerrado Campo Sujo, o que possibilita inferir que este solo apresenta menor fertilidade em comparação às outras fitofisionomias analisadas, uma vez que as desidrogenases são importantes indicadores da quantidade de matéria orgânica e atividade metabólica microbiana no solo.

Palavras-chave: Microrganismos; Cerrado; Metagenômica

Agradecimentos: Agradecemos ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ) e à Universidade Federal do Tocantins.