

## O MICROBIOMA DO SOLO ANTES E DEPOIS DO CULTIVO DE *Allium sativum* EM SANTA CATARINA E SUAS IMPLICAÇÕES NA PRODUTIVIDADE

Gustavo Pitta Reis de Azevedo<sup>1</sup>; Yohan Fritsche<sup>1</sup>; Danielle da Silva<sup>1\*</sup>; Volni Mazzuco<sup>2</sup>;  
Leocir José Welter<sup>2</sup>; Luciana Guterres de Azevedo<sup>1</sup>; Valdir Marcos Stefenon<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais. Departamento de Fitotecnia. Universidade Federal de Santa Catarina. <sup>2</sup>Centro de Ciências Rurais, Campus Curitibanos, Universidade Federal de Santa Catarina. \*dsdanielledasilva@gmail.com.

O alho é uma das hortaliças mais utilizadas na culinária brasileira devido ao seu sabor e propriedade condimentar, além de ser considerado um alimento funcional. Essa cultura apresenta grande importância socioeconômica no estado de Santa Catarina por ser cultivada por pequenos e médios agricultores e por empregar mão de obra em grande escala. Entretanto, devido a questões fitossanitárias, como doenças causadas por fungos e nematoides, e a forte competição com o alho importado, a cultura está enfrentando limitações significativas. Neste contexto, o estudo do microbioma do solo antes e depois do cultivo de alho pode trazer novos conhecimentos para melhoria da saúde do solo e da produtividade. O trabalho avalia as alterações nas comunidades bacterianas do solo em quatro fazendas de Santa Catarina, antes e depois do cultivo de alho, utilizando sequenciamento do gene 16S rRNA através da plataforma Oxford Nanopore. A investigação dos dados apontou que o cultivo de alho impacta o microbioma do solo significativamente. A análise de dissimilaridade, utilizando Bray-Curtis como métrica, evidencia a separação dos grupos antes e depois do cultivo. As análises multidimensionais não métricas (NMDS) mostraram clara distinção entre os grupos, o que se confirma estatisticamente através de ANOSIM com diferenças estatisticamente significativas ( $p < 0,05$ ). Adicionalmente, a análise discriminante revelou os gêneros bacterianos mais influentes responsáveis pela variação observada entre os grupos, destacando como essas comunidades microbianas variam entre as fazendas e como o manejo e composição bioquímica do solo pode influenciar essa dinâmica. Programas como QIIME2, Nanoclust e Nextflow foram utilizados para o processamento dos dados metagenômicos, e scripts em Shell e Python foram desenvolvidos para automatizar os fluxos de trabalho, garantindo maior eficiência nas análises. O próximo passo da pesquisa inclui a predição funcional do microbioma utilizando PICRUSt2, com o objetivo de inferir o repertório metabólico bacteriano disponível antes e depois do cultivo, podendo inferir o papel funcional microbiano *in silico* e apontar para o repertório metabólico e composição microbiana mais adequada para o aumento de produtividade destas culturas.

**Palavras-chave:** Fitomicrobioma; alho; sequenciamento de nova geração.

**Agradecimentos:** à Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação de Santa Catarina, UNIEDU/FUMDES, CAPES, CNPq.