

Título: Metagenoma de áreas de recuo de geleiras na Ilha Rei George, Antártica

Autores: AHMED, N. L.¹; BENDIA, A. G.¹; DUARTE, R. T. D.²; PELLIZARI, V. H.¹

Instituição: ¹ Instituto Oceanográfico, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP (Praça Oceanográfico, 191 - Vila Universitaria, CEP: 05508-120, São Paulo - SP, Brasil)

² Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina (R. Eng. Agrônomo Andrei Cristian Ferreira, s/n - Trindade, CEP: 88040-900, Florianópolis - SC, Brasil)

A Península Antártica é uma das áreas mais afetadas por mudanças climáticas, uma vez que já sofreu um aumento de 2,5°C nos últimos 50 anos. Como consequência observa-se o derretimento de geleiras e do solo *permafrost*, que provocam modificações nas dinâmicas ecossistêmicas. Na Antártica, os ecossistemas são compostos principalmente por micro-organismos, que são sensíveis a alterações ambientais. O solo exposto pelo derretimento e recuo de geleiras apresenta um gradiente de fatores físicos, químicos e biológicos denotando uma cronosequência, que pode ser estudada como um modelo de sucessão ecológica. O objetivo deste estudo é caracterizar, através da metagenômica, a comunidade microbiana da cronosequência de duas geleiras com diferentes tempos de retração: Geleira Baranowski (~30 anos de retração) e Geleira Collins (~3500 anos de retração). As amostras de solo foram coletadas em um transecto entre 0 e 400m de distância das geleiras e sequenciadas na plataforma Illumina HiSeq 2500. Na plataforma KBase foi usada a ferramenta Kaiju para classificar taxonomicamente as reads do sequenciamento metagenômico. As amostras das duas geleiras apresentaram filos como Bacteroidetes, Proteobacteria, Actinobacteria, Cyanobacteria e Firmicutes; porém, em diferentes abundâncias relativas. Quanto à geleira Baranowski, as amostras expostas a mais tempo apresentaram maior número de filos e maior abundância relativa de Bacteroidetes. Este táxon é conhecido por degradar polímeros complexos, o que indica sua função como decompositor em áreas mais ricas em nutrientes. Nas amostras da Geleira Collins foram encontrados também representantes do domínio Archaea (filos Euryarchaeota e Thaumarchaeota nas amostras de 300m e 400m de distância da geleira). Também houve aumento no número de táxons com a progressão da cronosequência; no entanto, não há variações expressivas na abundância relativa dos filos. É possível perceber uma clara diferença entre a estrutura das comunidades microbianas da cronosequência das geleiras com retração recente e antiga. Os próximos passos deste estudo incluirão análises de diversidade e anotação funcional de genes relacionados aos ciclos biogeoquímicos.

Palavras-chave: metagenômica, antártica, extremófilos, mudanças climáticas

Agências de fomento: CNPq, CAPES