

TÍTULO: ANÁLISES *IN SILICO* DE COMUNIDADES DE CIANOBACTÉRIAS EM AMBIENTES LACUSTRES

AUTORES: SILVEIRA, N.M., MOREIRA-SILVA, E. & MEDINA-SILVA, R.

INSTITUIÇÃO: PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DO RIO GRANDE DO SUL (AV. IPIRANGA, 6681 PARTENON - PORTO ALEGRE / RS)

RESUMO:

O filo Cyanobacteria possui grande importância ecológica em função de seu papel como principal produtor primário em muitos ecossistemas aquáticos dos quais faz parte. Suas espécies apresentam importante papel no ciclo do carbono, além de fornecerem oxigênio e fixarem nitrogênio, possuindo uma grande variedade de tipos metabólicos e amplo potencial biotecnológico. Enquanto a maioria dos estudos focam nas comunidades encontradas em ambientes marinhos, ecossistemas de água doce, que apresentam grande destaque no ciclo do carbono, ainda tem suas comunidades de cianobactérias pouco estudadas. Nesse contexto, esse trabalho busca caracterizar por meio de métodos *in silico* as comunidades de cianobactérias de diferentes ambientes lacustres. Para tal, utilizou-se de bancos de dados que disponibilizam sequências de DNA *barcode* (do gene do rRNA 16S) de comunidades microbianas encontradas em lagos e rios de diferentes localidades. Foi realizada a triagem e importação de dados de 16 lagos e 4 rios dos EUA, e um rio brasileiro para o *software* QIIME2, próprio para análises em microecologia. Com a ferramenta DADA2 foi realizada a limpeza e filtragem das sequências selecionadas, estabelecendo tamanho mínimo de 200 pares de base, gerando aproximadamente 2 milhões de sequências de 12 lagos. Sendo agrupadas pela metodologia de novo, gerou-se uma tabela de OTUs, seguida de uma análise de rarefação, para avaliação da qualidade do sequenciamento em cada amostra. As OTUs foram classificadas taxonomicamente através do banco de dados SILVA *Database* e posteriormente filtradas com base na classificação taxonômica, e em seguida submetidas a análises de diversidade *alfa* e *beta*. O gráfico de rarefação mostrou que as amostras utilizadas eram de boa qualidade. Uma análise de frequência relativa das comunidades indicou Proteobacteria como o filo mais frequente, com Cyanobacteria sendo o 5º mais frequente. As frequências relativas das famílias de cianobactérias revelaram *Cyanobiaceae* como a mais abundante, seguida por *Mycrocistaceae* e *Nostocaceae*. Análises de riqueza (*observed OTUs*), diversidade (Shannon) e equitabilidade (Pielou) apontaram o Lago Little Long como tendo o menor valor nos três parâmetros, o Lago Baseline como tendo equitabilidade e diversidade maiores, e o Lago Sherman a maior riqueza. Foi montado um gráfico de PCoA utilizando a similaridade de Jaccard, mostrando que as amostras do Lago Baseline têm uma comunidade distinta das encontradas nos demais lagos.

Palavras-chave: Microbiologia; bioinformática; biotecnologia, microbioma

Agência de desenvolvimento: CNPq