

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
DEPARTAMENTO DE ECOLOGIA
BACHAREL EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Ana Paula da Silva Ferrero

**Análise comparativa da estrutura de assembleias de bactérias
planctônicas e perifíticas em um sistema de lagoas costeiras rasas**

Porto Alegre

2022

Ana Paula da Silva Ferrero

Análise comparativa da estrutura de assembleias de bactérias planctônicas e perifíticas em um sistema de lagoas costeiras rasas

Trabalho de conclusão de curso submetido como requisito parcial à obtenção do título de Bacharel em Ciências Biológicas do Departamento de Ecologia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Orientador: Profa. Dra. Luciane Oliveira Crossetti

Co-orientadora: Karine Aparecida Felix Ribeiro

Porto Alegre

2022

CIP - Catalogação na Publicação

Ferrero, Ana Paula da Silva
Análise comparativa da estrutura de assembleias de
bactérias planctônicas e perifíticas em um sistema de
lagoas costeiras rasas / Ana Paula da Silva Ferrero.
-- 2022.
27 f.
Orientadora: Luciane Oliveira Crossetti.

Coorientadora: Karine Aparecida Felix Ribeiro.

Trabalho de conclusão de curso (Graduação) --
Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto
de Biociências, Bacharelado em Ciências Biológicas,
Porto Alegre, BR-RS, 2022.

1. bacterioplâncton. 2. perifiton. 3. zona
pelágica. 4. zona litoral. I. Crossetti, Luciane
Oliveira, orient. II. Ribeiro, Karine Aparecida
Felix, coorient. III. Título.

Elaborada pelo Sistema de Geração Automática de Ficha Catalográfica da UFRGS com os
dados fornecidos pelo(a) autor(a).

Ana Paula da Silva Ferrero

Análise comparativa da estrutura de assembleias de bactérias planctônicas e perifíticas em um sistema de lagoas costeiras rasas

Trabalho de conclusão de curso submetido como requisito parcial à obtenção do título de Bacharel em Ciências Biológicas do Departamento de Ecologia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

BANCA EXAMINADORA:

Prof. Dra. Luciane Oliveira Crossetti

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Dra. Karine Aparecida Felix Ribeiro

Prof. Dr. Ng Haig They

Universidade Federal do Rio Grande

Dra. Marla Sonaira Lima

Autônoma e colaboradora de projetos da UFRGS

Agradecimentos

Gostaria de iniciar agradecendo a pessoa que foi a maior responsável por essa conquista, minha mãe, que dedicou todo seu tempo e energia para possibilitar aos quatro filhos que conquistassem seus objetivos. Sem o seu apoio e incentivo, nenhum de nós teríamos conquistado tanto. Dedico este trabalho também aos meus irmãos, Luiz Paulo e José Luis, que sempre tiveram orgulho por um de nós conseguir cursar o ensino superior.

Aos meus amigos da vida, Lucyellen, Lúrian, Ederson, Ana Vitória e Igor, que me deram suporte emocional durante todos esses anos de angústias e inseguranças, muito obrigada por estarem presentes nos bons e maus momentos. A Mariana, meu maior achado da universidade e motivo de muitas risadas, agradeço todo o companheirismo e amizade que me dedicou desde o primeiro momento.

Agradeço ao meu amor, Jaison, por todos os quatro anos de dedicação e paciência que teve comigo. Por cada lágrima enxugada durante minhas crises de ansiedade. Por cada bom conselho dito, mesmo em horas de intensa frustração. Te amo cada dia mais, por esse e muitos outros motivos.

Por último e não menos importante, dedico esse trabalho à Dra. Karine, minha co-orientadora por toda ajuda e apoio prestados durante a produção do meu TCC e nos anos anteriores de bolsa de iniciação científica (IC). Sem você esse trabalho não existiria. A Dra. Marla, serei eternamente grata, sua contribuição e parceria com o nosso laboratório tornou possível a confecção deste e muitos outros projetos. Agradeço, também, à minha orientadora, a Profa. Dra. Luciane Crossetti pela oportunidade de realizar esse projeto e por todas as horas do seu tempo dedicadas a ele e ao meu bem estar. Obrigada às três por tornarem essa trajetória mais tranquila e por todo o conhecimento adquirido.

**O seguinte manuscrito foi formatado
conforme as regras de submissão da
revista Hydrobiologia - The
International Journal of Aquatic
Sciences**

**Análise comparativa da estrutura de assembleias de bactérias planctônicas e
perifíticas em um sistema de lagoas costeiras rasas**

Ana Paula da Silva Ferrero¹, Karine Aparecida Felix Ribeiro², Luciane Oliveira Crossetti³

Análise comparativa da estrutura de assembleias de bactérias planctônicas e perifíticas em um sistema de lagoas costeiras rasas

Resumo

Nos ecossistemas aquáticos as bactérias desempenham funções de grande importância para a manutenção e dinâmica desses ambientes. Conhecer seu papel e determinar as diferenças entre as comunidades bacterianas em resposta a variações ambientais é pouco explorado em regiões de clima subtropical. Nosso objetivo é compreender as diferenças em termos de riqueza e variação espacial de comunidades de bacterioplâncton e perifíton com base em suas respostas frente a distintas condições ambientais e distância geográfica. Amostras de DNA de cinco lagoas costeiras do RS foram sequenciadas e submetidas à PCR para amplificação da região V2 do gene 16S. As sequências resultantes foram agrupadas em OTUs (> 97% de similaridade) e a matriz biótica foi construída com base na presença/ausência e abundância de OTUs. Uma Análise de Redundância (RDA) foi utilizada para determinar a contribuição do espaço e do ambiente. As comunidades perifíticas obtiveram uma riqueza bacteriana duas vezes maior que o bacterioplâncton e foram influenciadas puramente pelo ambiente, enquanto que, para o bacterioplâncton, as frações ambientais e espaciais de forma compartilhada explicam boa parte da variação encontrada. As condições ambientais associadas ao espaço possuem grande importância para as bactérias aquáticas, assim, estudos que contemplem a região subtropical são primordiais para compreender ainda mais esses microrganismos.

Palavras-chave: bacterioplâncton, perifíton, zona pelágica, zona litoral

Comparative analysis of the structure of planktonic and periphytic bacterial assemblages in a shallow coastal lagoon system

Abstract:

In the aquatic ecosystems, bacteria perform functions of great importance for the maintenance and dynamics of these environments. Knowing their role and determining the differences between bacterial communities in response to environmental variations is little explored in regions of the subtropical climate. Our aim was to understand the differences in terms of richness and spatial responses of bacterioplankton and periphyton communities based on their different environmental conditions and geographical distance. DNA samples from five coastal lagoons in RS were sequenced and submitted to PCR for amplification of the V2 region of the 16S gene. The resulting sequences were grouped into OTUs (> 97% similarity) and the biotic matrix was constructed based on the presence/absence and abundance of OTUs. A Redundancy Analysis (RDA) was used to determine the contribution of space and environment. Periphytic communities obtained a bacterial richness twice that of bacterioplankton and were influenced purely by the environment, while for bacterioplankton, the shared environmental and spatial fractions explained much of the variation found. The environmental conditions associated with space are of great importance for aquatic bacteria, so studies that include the subtropical region are essential to further understand these microorganisms.

Key-words: bacterioplankton, periphyton, pelagic zone, littoral zone

Sumário

Agradecimentos	5
Resumo	7
Abstract	8
Sumário	9
1. Introdução	10
2. Materiais e Métodos	11
2.1 Área de estudo, Amostragem e Processamento das amostras.....	11
2.2 Análises Bioinformáticas e Tratamento dos dados.....	12
2.3 Análises estatísticas.....	13
3. Resultados	14
3.1 Resultados da pRDA.....	14
4. Discussão	15
5. Conclusão	18
6. Referências	18
7. Tabelas e Figuras	23

Introdução

As bactérias constituem um grupo de microrganismos altamente diverso, abundante e de ampla distribuição no globo, ocupando, desde regiões inóspitas, até em associação com outros organismos (PAPKE et al., 2003; IONESCU et al., 2010; LOCEY; LENNON, 2016). Em sistemas aquáticos, as bactérias têm atuação chave nos ciclos biogeoquímicos e na ciclagem de matéria orgânica, influenciando diretamente na dinâmica e equilíbrio destes ambientes (ÁVILA et al., 2016). Os ciclos biológicos de carbono e nitrogênio, por exemplo, são mantidos por bactérias capazes de realizar a recirculação desses elementos disponibilizando-os novamente para serem assimilados por outros organismos (COLE; BROWN, 1980; COLE, 1999). Apesar de representar a maior porção da diversidade genética e metabólica da biosfera, e de sua importância crucial na manutenção da vida na Terra (WHITMAN et al., 1998), pouco se sabe ainda acerca dos padrões de distribuição da diversidade bacteriana e quais processos ecológicos subjacentes estão envolvidos. Portanto, um dos principais desafios em ecologia microbiana atualmente é determinar o papel de fatores ambientais, bióticos e históricos na distribuição da diversidade bacteriana, tanto em escala global, como em escalas regionais e locais (HANSON et al., 2012; RAMETTE; TIEDJE, 2007; ÁVILA et al., 2016; LIMA et al., 2016).

As lagoas costeiras apresentam alta variabilidade de características limnológicas decorrente de diferentes fatores e processos que influenciam na sua dinâmica (MACCORD, 2007; MACCORD et al., 2013). Essa série de singularidades dentro de cada lagoa fornece um gradiente ambiental que afeta diretamente a distribuição e composição da comunidade microbiana desses corpos d'água (MACCORD et al., 2013, JIAO et al., 2021). Dentro de lagoas costeiras, as bactérias ocupam uma ampla faixa de habitats, podendo estabelecer-se ao longo da coluna d'água desde as regiões superficiais até a zona de águas profundas e nos sedimentos do fundo (MCQUEEN et al., 1986), ao mesmo tempo em que podem ocupar as regiões pelágica e litorânea destes ambientes (LIMA et al., 2016).

Além disso, as comunidades bacterianas são importantes mediadoras de processos vitais nas lagoas costeiras, pois reciclam a matéria orgânica dissolvida, fornecendo, através da remineralização em sedimentos superficiais, nutrientes essenciais para os demais organismos, assim mantendo o fluxo constante de reposição (ZHAO et al., 2017; HAIG THEY; MARQUES, 2019). O processo de produção primária em lagoas costeiras também é altamente dependente da comunidade bacteriana, através da ação das cianobactérias que realizam fotossíntese oxigênica juntamente com os demais componentes do fitoplâncton (MCQUEEN et al., 1986; ZHAO et al., 2017).

Embora um número crescente de estudos busque compreender os fatores ecológicos que afetam a distribuição da diversidade bacteriana em ecossistemas lênticos, generalizações não podem ser feitas uma vez que padrões distintos são observados dependendo da escala espacial, área biogeográfica e tipo de habitat considerados (RIBEIRO et al., 2018). Além disso, a maioria dos estudos de ecologia microbiana em sistemas lênticos explorou a comunidade bacteriana em zonas pelágicas (bacterioplâncton), sem considerar outros microhabitats dentro destes ecossistemas. Além de ser um

componente do plâncton flutuando ao longo das correntes de água, as bactérias também podem formar biofilmes aderidos a algum tipo de substrato, tais como rochas e macrófitas, que juntamente com as microalgas eucarióticas formam a comunidade perifítica (WETZEL, 1979). Neste contexto, enquanto que um importante papel de variáveis limnológicas sobre a estrutura do bacterioplâncton já tenha sido avaliado (MELO; SARMENTO, 2019; SOUFFREAU et al., 2018; LIMA et al., 2016), a estrutura de comunidades bacterianas aderidas ao substrato parece ser fortemente dependente do tipo de substrato (macrófitas *versus* sedimento, por exemplo; SI PANGA et al., 2016).

Considerando os raros estudos que compararam diretamente a comunidade bacteriana de vida livre (bacterioplâncton) a associada a um substrato (biofilmes, perifiton) em ecossistemas lênticos, todos os estudos mostraram uma notável diferença entre o bacterioplâncton e a comunidade bacteriana de vida associada, tanto em termos de riqueza, composição e resposta à variação ambiental (HE et al., 2014; SOUFFREAU et al., 2018, SÁNCHEZ et al., 2015). Entretanto, mais comparações dessa natureza, em diferentes escalas espaciais e regiões geográficas, são necessárias para uma completa caracterização destes padrões ecológicos. Assim, neste estudo nosso objetivo foi acessar diferenças ecológicas (riqueza e variação espacial da composição bacteriana) entre comunidades bacterianas de vida livre e associadas ao perifiton, caracterizadas através de dados de sequenciamento de alto rendimento do gene 16S rRNA, em um sistema de lagoas rasas do sul do Brasil. Especificamente, nós testamos o quanto a distância geográfica e as condições físicas e químicas da água explicam a variação na composição bacteriana entre as amostras planctônicas e perifíticas, tendo em conta as seguintes hipóteses: (1) a distância geográfica será mais importante para as comunidades bacterianas perifíticas, uma vez que espera-se uma menor capacidade de dispersão destas em comparação ao bacterioplâncton; (2) as condições físicas e químicas da água (por exemplo, profundidade, temperatura) serão mais importantes para o bacterioplâncton, devido à maior (embora não exclusiva) dependência do perifiton às condições do substrato (macrófitas, no caso do presente estudo).

Materiais e Métodos

Área de Estudo, Amostragem e Processamento das Amostras

O estudo foi realizado em cinco lagoas rasas localizadas no Litoral Norte e Médio do Rio Grande do Sul, abrangendo a região dos municípios de Balneário Pinhal, Tramandaí e Osório (Lagoa Ramallete, Lagoa do Passo, Lagoa Marcelino, Lagoa Cidreira e Lagoa da Custódia). As lagoas estão localizadas dentro da bacia hidrográfica do Rio Tramandaí e não apresentam conectividade entre si. Seu processo de formação nesta região ocorreu entre o Pleistoceno e Holoceno, devido às transgressões e regressões do nível do mar (SCHWARZBOLD; SCHÄFER, 1984). As lagoas foram escolhidas com base em dados limnológicos anteriores (CABEZUDO et al., 2020), a fim de representar a heterogeneidade ambiental do sistema lagunar onde estão inseridas (Tabela 1). O clima da região é subtropical úmido sem estação seca (Cf) com verões quentes (Cfa)

(CASTRO; MELLO, 2013). Seus ventos constantes de direção predominantemente nordeste ocasionam a mistura constante da coluna d'água.

As amostras foram coletadas em março de 2018 em seis pontos dentro de cada lagoa, sendo três pontos amostrais na região pelágica central (para estudo do bacterioplâncton) e três pontos amostrais nos bancos de macrófitas localizados na região litorânea das lagoas (para estudo dos biofilmes bacterianos). Na região pelágica, as amostras de água para a análise do bacterioplâncton foram coletadas na subsuperfície da coluna d'água (~10 cm de profundidade), em frascos de polietileno de 500mL e foram imediatamente acondicionadas em caixa resfriada. Na região litorânea, foram coletadas porções submersas de aproximadamente 10 cm de comprimento, de 10 a 15 pecíolos de macrófitas emergentes (*Schoenoplectus californicus* (C.A.Mey.) Soják.). Os pecíolos foram acondicionados em recipientes esterilizados e resfriados até o processamento em laboratório, onde o biofilme de cada pecíolo foi removido do substrato delicadamente através de raspagens realizadas com escovas macias estéreis, juntamente com 250 mL de água destilada.

Em cada ponto amostral foram medidas a temperatura da água (°C), a condutividade elétrica (Cond), e o pH com o auxílio de sonda multiparâmetros, e a transparência da água com o auxílio de disco de Secchi. Em cada ponto amostral foram coletadas também amostras de água em frascos de 500mL, que foram imediatamente congelados após a coleta, para a determinação dos seguintes parâmetros físicos e químicos da água: oxigênio dissolvido (OD), cor (absorbância a 450 nm, a Digimed DM-COR colorimeter), sólidos suspensos totais (SST), sólidos suspensos fixos (SSF), sólidos suspensos voláteis (SSV), sílica solúvel reativa (SiSR), nitrogênio Total (NT), nitrito (N-NO₂⁻), nitrato (N-NO₃⁻), nitrogênio amoniacal (N-NH₃⁻ - N-NH₄⁺), nitrogênio dissolvido total (NTD), fósforo total (PT), e fósforo solúvel reativo (SRP), seguindo APHA (2012). Nitrogênio inorgânico dissolvido (NID) foi obtido através da soma das concentrações de N-NH₃⁺, N-NH₄⁺, N-NO₃⁻, N-NO₂⁻. Concentrações de carbono orgânico total (TOC), carbono orgânico dissolvido (DOC), carbono inorgânico dissolvido (DIC) e carbono orgânico particulado (POC) foram analisados a partir do equipamento TOC V (Shimadzu VCPH).

No laboratório, as amostras do bacterioplâncton (250 mL) e do biofilme (250 mL) foram filtradas através de membranas estéreis hidrofílicas (Hydrophilic Polyvinylidene Difluoride - (PVDF) sterile membranes; 0.22 µm; 47 mm; EMD Millipore, Billerica, MA, USA) e armazenadas a -20°C. O DNA das amostras foi extraído usando o Kit de Isolamento de DNA Power Soil® (MoBio Laboratories, CA) e em seguida foram submetidas à PCR (Reação em Cadeia da Polimerase), com o intuito de amplificar a região V2 do gene bacteriano ribossomal 16S. O sequenciamento de alto rendimento foi então realizado através da plataforma Miseq Illumina (Caporaso et al., 2012), seguindo os protocolos padrões, utilizando a infraestrutura do Laboratório de Bioquímica de Microrganismos do Instituto de Ciência e Tecnologia de Alimentos (ICTA-UFRGS).

Análises bioinformáticas e tratamento dos dados

Após o sequenciamento das amostras, análises bioinformáticas foram realizadas usando o programa QIIME 2 versão 2019.7 (BOLYEN et al., 2018). As sequências foram

primeiramente analisadas e filtradas conforme o nível de qualidade, seguindo CALLAHAN et al. (2016). Sequências com um número de erros esperados maior que 2 (seguindo CALLAHAN et al., 2016) e menores do que 230pb foram removidas. Finalmente, todas as sequências variantes restantes foram agrupadas em OTUs (Operational Taxonomic Units) usando o valor de corte de > 97% de similaridade na sequência do gene 16S rRNA (BLAXTER et al., 2005). A matriz biótica final foi então construída com base na presença/ausência e abundância (número de sequências) de cada OTU por ponto amostral (30 amostras; seis por lagoa).

Análises estatísticas

As análises estatísticas foram realizadas a partir do conjunto de dados total (30 amostras; seis por lagoa) bem como dividido nos dois subconjuntos referentes ao tipo de comunidade (bacterioplâncton: 15 amostras; biofilme: 15 amostras). Além disso, as análises foram realizadas com os dados de abundância dos OTUs normalizados (transformação de Hellinger).

Para testar a contribuição do espaço (distância geográfica) e do ambiente (condições físicas e químicas da água) sobre a variação na composição bacteriana entre as comunidades, foi utilizada a Análise de Redundância (RDA), a qual permite quantificar qual proporção da variação na composição de espécies (ou OTUs, no caso deste trabalho) entre distintas amostras pode ser explicada por um dado conjunto de variáveis explanatórias. Aqui, para estas análises foram utilizados os dados de abundância das OTUs, a latitude e longitude de cada ponto amostral, registrado em campo por meio de GPS (matriz explanatória espacial), e as variáveis ambientais mensuradas em laboratório previamente normalizadas ($\log x+1$) (matriz explanatória ambiental). Além disso, as variáveis ambientais foram filtradas por meio de procedimentos de seleção através do VIF (variance inflation factor) (Akinwande et al. 2015), onde apenas as variáveis com VIF menor que 5 foram retidas, assim eliminando as variáveis altamente correlacionadas da matriz final.

Para a matriz espacial, foram utilizados os Mapas de Autovetores de Moran (dbMEMs, DRAY et al., 2012; LEGENDRE & LEGENDRE, 2012). Os dbMEMs produzem autovetores usados para representar relações espaciais entre unidades amostrais em dados multivariados (DRAY et al., 2012). Em resumo, as distâncias euclidianas entre as unidades amostrais são calculadas a partir dos dados de latitude e longitude, e após testes de autocorrelação são transformadas nos autovetores espaciais que compõem a matriz explanatória espacial final (para mais detalhes destes procedimentos consultar DRAY et al., 2012; LEGENDRE & LEGENDRE, 2012; RIBEIRO et al., 2018; CABEZUDO et al., 2020). Por fim, a importância de cada matriz explanatória (espacial e ambiental) sobre a variação das comunidades foi analisada com base nos valores de R^2 (que representa a proporção da variação das abundâncias das OTUs nas amostras que é explicada pela variável em questão) e a significância acessada através de 10.000 permutações. Todas as análises estatísticas foram realizadas no software R v3.6.1 (R Core Team, 2018).

Resultados

Após as etapas de corte, filtragem, remoção de ruídos e quimeras, foram obtidas 315.955 sequências genômicas efetivas. Um total de 738 OTUs foram detectados, pertencentes a 402 gêneros identificados, tendo o bacterioplâncton um total de 340 OTUs e o biofilme 663. Destes, 74 OTUs foram encontrados apenas no bacterioplâncton, 398 foram encontrados apenas nos biofilmes, e 266 foram identificados nos dois tipos de habitat. O perifíton teve em média ($n = 15$) uma riqueza bacteriana (138 OTUs) aproximadamente duas vezes maior do que o bacterioplâncton (73). Considerando o bacterioplâncton, a lagoa que apresentou a maior riqueza de OTUs foi a Lagoa Ramallete (194), ao passo que a Lagoa Custódia foi a que apresentou a menor riqueza (67) (Tabela 1). Já no perifíton, as lagoas que apresentaram maior e menor riqueza de OTUs foram a Lagoa Cidreira (375) e a Lagoa Passo (164), respectivamente (Tabela 1). Os resultados das análises de diversidade mostraram que o perifíton apresentou maior riqueza e diversidade bacteriana quando comparado ao bacterioplâncton (Fig. 1).

Foi possível identificar 47 classes bacterianas nas amostras planctônicas e 65 classes no biofilme. A abundância média relativa (Fig. 2), com base nas OTUs encontradas em cada lagoa e nas distintas comunidades, demonstrou uma dominância de cianobactérias (35,3% de contribuição relativa) na grande maioria das amostras, seguido por *Actinobacteria* (16 %). Nas amostras de bacterioplâncton observou-se abundância mais equitativa entre as classes *Cyanobacteria* e *Actinobacteria*, mostrando proporções semelhantes (30% e 28,8%, respectivamente). Entretanto, nas amostras de biofilme foi possível identificar um predomínio do primeiro grupo (39,3%), seguido do grupo *Alphaproteobacteria* (17,6%) (Fig. 2).

Resultados da pRDA

Considerando o conjunto de dados total, tanto o ambiente (A), quanto o espaço (E) tiveram influência significativa na variação das comunidades de bacterioplâncton e bacterioperifíton, nas quais a maior parte da variação explicada foi pelo ambiente puro ($R^2_{adj} = 0,216$; $p < 0,001$) (Tabela 2). Ao comparar a influência dessas frações nas duas comunidades separadamente, foram encontradas fortes diferenças. A fração ambiental (A) teve grande importância para explicar a variação nas formas de vida bacterioperifíticas ($R^2_{adj} = 0,419$; $p < 0,001$), enquanto não foi significativa para a variação das assembleias bacterioplanctônicas ($R^2_{adj} = 0,091$; $p > 0,05$). Já o espaço puro (E) não teve influências significativas na variação das comunidades do plâncton ($R^2_{adj} = 0,066$; $p < 0,05$) e do perifíton ($R^2_{adj} = 0,088$; $p < 0,05$) (Tabela 2). Houve, embora de menor importância, uma influência compartilhada das frações ambientais e espaciais (A + E) para todos os conjuntos de dados (Tabela 2). Porém, para o bacterioplâncton, as frações ambientais e espaciais (A + B) explicaram mais da metade da variação encontrada ($R^2_{adj} = 0,592$; $p < 0,001$). Além disso, o conjunto de dados planctônicos teve uma quantidade maior de variância explicada (variação total explicada, incluindo frações puras e compartilhadas = 74,9%; variância não explicada = 25,1%) quando comparado ao conjunto de dados perifítico (variação total explicada, incluindo frações puras e compartilhadas = 57,2%; variância não explicada = 42,8%)

(Tabela 2). As variáveis ambientais e espaciais retidas para cada conjunto de dados por seleção direta também são fornecidas na Tabela 2. Na Figura 3 são mostradas as porcentagens da variação explicada por cada fator sem considerar a fração não explicada.

Discussão

Nossas análises de abundância de OTUs encontrou um predomínio das classes *Cyanobacteria* e *Actinobacteria* no bacterioplâncton e *Cyanobacteria* e *Alphaproteobacteria* no biofilme perifítico. Considerando o mesmo sistema de lagoas, Ribeiro et al. (2018) encontrou um predomínio de cianobactérias em suas amostras, o que demonstra a alta abundância desses organismos nesses sistemas aquáticos. *Actinobacteria* é um grupo encontrado em grandes quantidades em águas oligotróficas, ajudando nos ciclos do carbono e nitrogênio, estudos apontam que sua presença está intimamente relacionada com os nutrientes presentes nos corpos de água e sua abundância pode indicar padrões altos de qualidade da água (YI et al, 2021; SHANG et al., 2022; GHAI et al., 2014). Na lagoa Marcelino, por exemplo, a baixa abundância de actinobactérias é reflexo do seu estado de eutrofização, pois, essa lagoa recebe uma considerável carga de matéria orgânica proveniente dos esgotos do município de Osório (FEPAM, 2022). A classe *Alphaproteobacteria*, presente em grandes quantidades nas amostras de biofilme, são típicas desse ambiente lagunar costeiro. Segundo a literatura, ambientes aquáticos que apresentam um aumento nos índices de salinidade, possibilitam a presença e, conseqüente abundância desses grupos (SILVA, 2015). A lagoa Custódia, amostrada neste projeto, apresenta altos níveis de salinidade quando comparadas às demais lagoas, o que, por sua vez, promove o estabelecimento e desenvolvimento de *Alphaproteobacteria* em maiores quantidades.

O trabalho evidenciou que as comunidades bacterianas do plâncton e perifíton são influenciadas primariamente por variáveis ambientais distintas. A estruturação e composição do bacterioplâncton são fundamentalmente correlacionadas com a heterogeneidade ambiental dos sistemas aquáticos ao qual estão inseridos (MENTES, et al 2018). Os resultados encontrados em nossas análises corroboram os estudos prévios de que as comunidades de bacterioplâncton e biofilmes microbianos são estruturados por diferentes processos. Em seu trabalho, He et al. (2014), constatou que as comunidades de bactérias aderidas a um determinado substrato, apresentaram uma diversidade alfa/beta e riqueza superior às assembléias de bacterioplâncton, o que pode ser explicado devido há uma maior vantagem do biofilme em mobilizar nutrientes do ambiente e do seu substrato de aderência. Enquanto isso, Ola A. Olapade (2018), estudando os grandes lagos laurentianos da América do Norte, atribuiu as diferenças na composição das comunidades de bacterioplâncton como resultante da ação de variáveis ambientais de cada sistema aquático, o que confirma os trabalhos anteriores, bem como a influência da ação antrópica que protagonizou grandes distúrbios ao longo da costa afetando esses ecossistemas.

Os estudos ainda demonstram que as comunidades microbianas possuem uma composição altamente diversa dentro de um ecossistema aquático (KONG et al. 2018). Segundo Souffreau et al. (2018), analisando a estrutura da metacomunidade do bacterioplâncton e do biofilme de uma lagoa interconectada, concluíram que, embora as comunidades sejam distintas, as bactérias de vida livre são mais fortemente influenciadas pelas variáveis ambientais, como a presença de nutrientes e a química da água, enquanto que, o biofilme é mais afetado por processos que envolvam alterações na estrutura da sua matriz biótica. Sánchez et al. (2015), buscando comparar as duas comunidades, também apresentaram divergências em termos de composição bacteriana entre o biofilme e o bacterioplâncton. Porém, segundo seus resultados cada lago amostrado apresentava diferenças pronunciadas na estruturação das comunidades aderidas, que pode ser explicada pelas condições internas de cada lago ou pela relação com parâmetros bióticos.

Apesar de muitos estudos encontrarem relação entre as variáveis ambientais e a composição das comunidades microbianas em ecossistemas aquáticos, outros fatores podem, também, ser responsáveis por contribuírem na estruturação das assembléias. Ainda em seu trabalho, Mendes et al. (2018), introduz mais uma perspectiva de resposta para os padrões encontrados no bacterioplâncton. Eles explicam que as diferenças da composição bacteriana de cada lago amostrado pode ser uma resultante da influência da presença de macrovegetação, além dos próprios fatores abióticos, como observado neste presente estudo. Pois, os compostos provenientes dessas vegetações, em alguns casos, possuem a capacidade de alterar o ecossistema aquático e também liberar substâncias prejudiciais aos microorganismos (CHANG et al., 2020). O inverso também é aplicável, uma vez que os processos oriundos da atividade microbiana, como a ciclagem de carbono, afetam significativamente a macrovegetação dos ambientes aquáticos (SZABÓ; TÓTH, 2020). No caso dos biofilmes, Xia et al. 2020, considerou, além das variáveis ambientais, uma relação direta com os componentes bióticos (algas, bactérias...) dos corpos de água com as variações das comunidades bacterianas encontradas.

De acordo com nossas análises, a comunidade bacterioplânctonica foi influenciada pelas frações ambientais e espaciais em maior grau do que o ambiente ou espaço puro. O estudo de Souffreau et al. (2015), considerando um transecto de > 6.000 km, postulou que a contribuição das variáveis ambientais locais e também o componente biótico foram mais importantes do que os fatores espaciais puros. No presente estudo, o ambiente em conjunto com o espaço foi responsável por 59,2 % da variação encontrada, enquanto apenas 25,1% não foi explicado por nenhum dos fatores. Para cada comunidade avaliada, diferentes variáveis ambientais foram mais importantes para sua estruturação, sendo o carbono orgânico dissolvido (DIC), sólidos suspensos voláteis (SSV) e transparência (transp) importantes fatores para bactérias planctônicas (bacterioplâncton), enquanto que, para as perifíticas (biofilme), a profundidade (prof), clorofila A (cloA) e a condutividade (cond) obtiveram maior influência. Em nosso

trabalho as variáveis bióticas não foram mensuradas, porém, tanto para o bacterioplâncton (CABEZUDO et al., 2020), quanto para biofilme (LI et al., 2020), essa fração mostrou-se significativa em alguns estudos e diferentes sistemas aquáticos. Corroborando nossos achados, Du et al. 2020, trabalhando com a composição das comunidades bacterianas de um lago altamente dinâmico, constatou que, o efeito compartilhado dos fatores ambientais e espaciais, considerando as duas estações de estudo (verão e inverno), foi responsável por explicar a maior parte da variação encontrada (68,41% e 58,37%, respectivamente).

Os resultados comprovaram que a participação do espaço puro (E) não obteve grande impacto nas comunidades bacterianas quanto o esperado. Nosso objetivo consiste em determinar qual dos parâmetros (fatores ambientais e espaciais) seria mais importante para o bacterioplâncton e bactérias do perifíton, uma vez que a capacidade de dispersão de ambos seria limitada por seu modo de vida. Segundo as observações, para o perifíton (biofilme) as condições físicas e químicas da água foram mais determinantes, embora o espaço puro tenha influenciado significativamente esta comunidade que tende a apresentar maior limitação à dispersão quando comparada com comunidades planctônicas (PADIAL et al., 2014). Entretanto, contrariando as expectativas, o bacterioplâncton também não demonstrou correlação direta com o espaço puro, e sim uma maior significância entre as frações compartilhadas do espaço com as condições ambientais. Langenheder e Lindström (2019) e Cao et al. (2021) propõem em seu trabalho que os níveis de conectividade entre os ambientes de estudo reflete na capacidade de dispersão entre os microorganismos e na estruturação das comunidades, porém a taxa de dispersão deve ser alta para prevalecer sobre as condições ambientais e assim classificar de modo efetivo as espécies em determinado ambiente. Estudos complementares devem ser realizados para definir quais variáveis, não observadas no presente estudo, desempenham importância significativa nos achados, uma vez que boa parte das variações encontradas não foram explicadas.

Apesar da grande quantidade de estudos voltados à influência de variáveis bióticas e abióticas, distribuição e dispersão de bactérias aquáticas, pouco se sabe ou foi explorado em regiões subtropicais. De acordo com nossos resultados, podemos ver o quanto as condições ambientais associadas com o espaço explicam grande parte da variação encontrada nas lagoas costeiras do litoral norte do Rio Grande do Sul. Por essa razão e sabendo a importância desses organismos, estudos complementares considerando esta região e demais áreas subtropicais, devem ser realizados a fim de caracterizar o ambiente e as comunidades bacterianas desses ecossistemas aquáticos. Assim, pesquisas compreendendo o papel do bacterioplâncton e biofilme em lagoas costeiras são fundamentais para a compreensão do seu papel na alça microbiana e na estruturação das comunidades dos demais organismos desses corpos d'água.

Conclusão

Com os dados obtidos até o momento, é possível observar que as comunidades de bactérias planctônicas e perifíticas são distintas tanto em termos de riqueza (340 e 663 OTUs detectados, respectivamente) como em termos de abundância de diferentes grupos taxonômicos. Por exemplo, enquanto a classe *Cyanobacteria* foi a mais abundante em todos os sítios amostrais, *Actinobacteria* foi muito mais abundante no bacterioplâncton do que nos biofilmes. Além disso, as classes *Bacilli* e *Deinococci* ocorreram apenas nas comunidades de biofilme. Por fim, as RDAs também demonstraram que variáveis ambientais diferentes influenciam a variação de cada comunidade, indicando que há uma especialização dos grupos taxonômicos em função do tipo de habitat e evidenciando o papel do filtro ambiental neste sistema de lagoas rasas.

Referências

- Ávila, M. P., Staehr, P. A., Barbosa, F. A. R., Chartone-Souza, E. & Nascimento, A. M. A. (2017) Seasonality of freshwater bacterioplankton diversity in two tropical shallow lakes from the Brazilian Atlantic Forest, *FEMS Microbiology Ecology*, Volume 93, Issue 1.
- Blaxter, M., Mann, J., Chapman, T., Thomas, F., Whitton, C., Floyd R. & Abebe E. (2005) Defining operational taxonomic units using DNA barcode data *Phil. Trans. R. Soc. B* 360:1935–1943
- Bolyen, E., Rideout, J.R., Dillon, M.R., Bokulich, N.A., Abnet, C., Al-Ghalith, G.A., et al. (2018) QIIME 2: Reproducible, interactive, scalable, and extensible microbiome data science, *PeerJ Preprints*.
- Cabezudo, M.M., Ribeiro, K.F., Schneck, F. et al. (2020) Ecological factors shaping cyanobacterial assemblages in a coastal lake system. *Hydrobiologia* 847, 2225–2239
- Callahan B.J., McMurdie P.J., Rosen M.J., Han A.W., Johnson A.J. & Holmes S.P. (2016a) DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nat Methods* 13: 581–583
- Callahan B.J., Sankaran K., Fukuyama J.A., McMurdie P.J. & Holmes S.P. (2016b) Bioconductor workflow for microbiome data analysis: from raw reads to community analyses. *F1000Res* 5: 1492
- Cao, X., Zhao, D., Zeng, J., Huang, R. & He, F. (2021) Biogeographic patterns of abundant and rare bacterial and microeukaryotic subcommunities in connected freshwater lake zones subjected to different levels of nutrient loading. *J. Appl. Microbiol.*, 130: 123-132.
- Castro, D. & Mello R. S. P. (2013) Atlas Ambiental da Bacia Hidrográfica do Rio Tramandaí. Via Sapiens, Porto Alegre.
- Chang, W., Sun, J., Pang, Y., Zhang, S., Gong, L., Lu, J., Feng, B. & Xu, R. (2020) Effects of different habitats on the bacterial community composition in the water and sediments of Lake Taihu, China. *Environmental science and pollution research international*, 27(36), 44983–44994.

- Cole, J.A. & Brown, C.M. (1980) Nitrite reduction to ammonia by fermentative bacteria: a short circuit in the biological nitrogen cycle. *FEMS Microbiology Letters* 7, 65–72.
- Cole, J. (1999) Aquatic Microbiology for Ecosystem Scientists: New and Recycled Paradigms in Ecological Microbiology. *Ecosystems* 2, 215–225.
- Dray, S., Pélissier, R., Couteron, P., Fortin, M., Legendre, P., Peres-Neto, P.R., Bellier, E., Bivand, R., Blanchet, F.G., De Cáceres, M., Dufour, A., Heegaard, E., Jombart, T., Munoz, F., Oksanen, J., Thioulouse, J. & Wagner, H.H. (2012) Community ecology in the age of multivariate multiscale spatial analysis. *Ecological Monographs*, 82: 257-275. <https://doi.org/10.1890/11-1183.1>
- Du, Y., Yang, W., Ding, X. et al. (2020) High heterogeneity of bacterioplankton community shaped by spatially structured environmental factors in West Lake, a typical urban lake in eastern China. *Environ Sci Pollut Res* 27, 42283–42293.
- Ghai, R., Mizuno, C.M., Picazo, A., Camacho, A. & Rodriguez-Valera, F. (2014), Key roles for freshwater Actinobacteria revealed by deep metagenomic sequencing. *Mol Ecol*, 23: 6073-6090.
- He, D., Ren, L. & Wu, Q. L. (2014) Contrasting diversity of epibiotic bacteria and surrounding bacterioplankton of a common submerged macrophyte, *Potamogeton crispus*, in freshwater lakes, *FEMS Microbiology Ecology*, Vo. 90, Issue 3, P. 551–562.
- Ionescu, D., Oren, A., Hindiyeh, M. & Malkawi H. (2010) Biogeography of thermophilic cyanobacteria: insights from the Zerka Ma'in hot springs (Jordan). *FEMS Microbiology Ecology*.
- Jiao, C.; Zhao, D.; Huang, R.; He, F. & Yu, Z. Habitats and seasons differentiate the assembly of bacterial communities along a trophic gradient of freshwater lakes. *Freshwater Biology*. 66: 1515– 1529.
- Kong, Z. Kou, W., Ma, Y., Yu, H., Ge, G. & Wu, L. (2018) Seasonal dynamics of the bacterioplankton community in a large, shallow, highly dynamic freshwater lake. *Canadian Journal of Microbiology*. 64(11): 786-797.
- LEGENDRE, Pierre & LEGENDRE, Lois. *Numerical Ecology*. 3. Ed. Elsevier, 2012.
- Langenheder, S. & Lindström, E.S. (2019) Factors influencing aquatic and terrestrial bacterial community assembly. *Environmental Microbiology Reports*, 11: 306-315.
- Li, M., Liu, J., Tonkin, J., Shen, J., Nengwen, X. & Wang, J. (2020) The effects of abiotic and biotic factors on taxonomic and phylogenetic diversity of stream epilithic bacteria around Qiandao Lake. *Aquatic Sciences*. 82. 10.1007/s00027-020-00746-8.
- Lima, M.S., Marques, D.M. & They, N.H. et al. (2016) Contrasting factors drive within-lake bacterial community composition and functional traits in a large shallow subtropical lake. *Hydrobiologia* 778, 105–120.
- Locey, K.J. & Lennon, J.T. (2016) Scaling laws predict global microbial diversity. *Proc Natl Acad Sci* 113: 5970–5975.

MacCord, F. (2007) Fatores reguladores da dinâmica espaço-temporal da comunidade de bactérias planctônicas em lagoas costeiras. Dissertação de Mestrado – Departamento de Ecologia, UFRJ. viii, 86 pp.

MacCord, F., Azevedo, F. D. A., Esteves, F.A. & Farjalla, V. F. (2013) Regulation of bacterioplankton density and biomass in tropical shallow coastal lagoons. *Acta Limnologica Brasiliensia*, vol. 25, n. 3: p. 224-234.

McQueen D.J., Post J.R. & Mills E.L. (1986). Trophic Relationships in Freshwater Pelagic Ecosystems. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 43, 1571–1581.

Melo, M.L. & Sarmiento, H. (2019) Anthropogenic impacts on aquatic bacteria: a perspective from the tropics. *Acta Limnol. Bras.*[online]. vol. 31, e111. Epub Nov 14, 2019. ISSN 2179-975X.

Mentes, A., Szabó, Á., Somogyi, B., Vajna, B., Tugyi, N., Csitári, B., Vörös, L. & Felföldi, T. (2018) Differences in planktonic microbial communities associated with three types of macrophyte stands in a shallow lake, *FEMS Microbiology Ecology*, Volume 94, Issue 2, fix164.

Olapade, O. A. (2018) Community Composition and Diversity of Coastal Bacterioplankton Assemblages in Lakes Michigan, Erie, and Huron. *Microbial ecology* vol. 75,3: 598-608. doi:10.1007/s00248-017-1081-0

Padial, A.A., Ceschin, F., Declerck, S.A.J., Meester, L.D., Bonecker, C.C., Lansac-Tôha, F.A., Rodrigues, L., Rodrigues, L.C., Train, S., Velho, L.F.M. & Bini, L.M. (2014) Dispersal Ability Determines the role of environmental, spatial and temporal drivers of metacommunity structure. *Plos One* 9 (10): e111227.

Pang, S., Songhe, Z., XiaoYang, L.V., Bing, H., Kaihui, L., Changhao, Q., Chao, W., Peifang, W., Harry, T. & Zhenli, H. (2016) Characterization of bacterial community in biofilm and sediments of wetlands dominated by aquatic macrophytes. *Ecological engineering* 97, 1: 242-250. doi:10.1016/j.ecoleng.2016.10.011

Papke R.T., Ramsing N.B., Bateson M.M. & Ward D.M. (2003) Geographical isolation in hot spring cyanobacteria. *Environmental Microbiology* 5, 650–659.

Paul V.J. (2008) Global warming and cyanobacterial harmful algal blooms BT - Cyanobacterial Harmful Algal Blooms: State of the Science and Research Needs. (Ed. H.K. Hudnell), pp. 239–257. Springer New York, New York, NY

Puche, E., Rojo, C., Segura, M. & Rodrigo, M. A. (2021) Macrophyte meadows mediate the response of the sediment microbial community to ultraviolet radiation. *Hydrobiologia* 848, 4569–4583.

Ribeiro, K.F., Rocha, C.M. & Castro, D. *et al.* (2018) Distribution and coexistence patterns of phytoplankton in subtropical shallow lakes and the role of niche-based and spatial processes. *Hydrobiologia* 814, 233–246.

Sánchez, M.L., Schiaffino, M.R., Pizarro, H.N. & Izaguirre, I. (2015) Periphytic and planktonic bacterial community structure in turbid and clear shallow lakes of the Pampean Plain (Argentina): a CARD-FISH approach; Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. *Escuela de Ciencias del Mar; Latin American Journal of Aquatic Research*; 43; 4; 9-2015; 662-674.

Schwarzbold, A. and Schäfer, A. (1984) Gênese e Morfologia das Lagoas Costeiras do Rio Grande do Sul-Brasil. *Amaz Limnol Oecologia Reg Syst Fluminis Amaz9*: 87–104.

Shang, Y., Wu, X., Wang, X., Wei, Q., Ma, S., Sun, G., Zhang, H., Wang, L., Dou, H. & Zhang, H. (2022) Factors affecting seasonal variation of microbial community structure in Hulun Lake. China, *Science of The Total Environment*, Volume 805, 150294, ISSN 0048-9697.

Silva, G.M. (2015) Diversidade taxonômica e funcional de comunidades microbianas em lagoas salino-alcálinas do pantanal brasileiro. *Dissertação de mestrado, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz*.

Souffreau, C., Van der Gucht, K., Gremberghe, I., Kosten, S., Lacerot, G., Lobão, L., Huszar, V., Jeppesen, E., Vyverman, W. & De Meester, Luc. (2015) Environmental rather than spatial factors structure bacterioplankton communities in shallow lakes along a > 6000 km latitudinal gradient in South America. *Environmental Microbiology*. 17. 2336–2351.

Souffreau C., Busschaert P., Denis C., Van Wichelen J., Lievens B., Vyverman W., et al. (2018) A comparative hierarchical analysis of bacterioplankton and biofilm metacommunity structure in an interconnected pond system. *Environmental Microbiology* 20, 1271–1282.

Szabó-Tugyi, N. & Tóth, V.R. (2020) Interaction among bacterioplankton and macrophytes in shallow lakes with high macrophyte cover. *Aquat Sci* 82, 79.

They, N.H. & Marques, D.M. (2019) The structuring role of macrophytes on plankton community composition and bacterial metabolism in a large subtropical shallow lake. *Acta Limnologica Brasiliensia*, vol. 31, e19.

Wetzel, R.G. (1979) Role of the littoral zone and detritus in lake metabolism. *Arch. Hydrobiol Journal*, vol. 13. Pages: 145-161.

Whitman W.B., Coleman D.C. & Wiebe W.J. (1998). Prokaryotes: The unseen majority. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 95, 6578–6583.

Xia, P., Yan, D., Sun, R., Song, X., Lin, T. & Yi, Y. (2020) Community composition and correlations between bacteria and algae within epiphytic biofilms on submerged macrophytes in a plateau lake, southwest China. *Science of The Total Environment*, Vol.727.

Yi, Y., Lin, C., Wang W. & Song, J. (2021) Habitat and seasonal variations in bacterial community structure and diversity in sediments of a Shallow lake. *Ecological Indicators*, Vol.120.

Zhao, D., Xu, H., Zeng, J., Cao, X., Huang, R., Shen, F. & Yu, Z. (2017) Community composition and assembly processes of the free-living and particle-attached bacteria in Taihu Lake, FEMS Microbiology Ecology, Volume 93, Issue 6, fix062,

Fundação Estadual de Proteção Ambiental Henrique Luiz Roessler. **FEPAM**: Avaliação da Qualidade das Águas Superficiais no Litoral Norte / RS. Porto Alegre - RS, 20221. Disponível em: http://www.fepam.rs.gov.br/qualidade/litoral_norte.asp. Acesso em: 20 de fev. 2022.

Tabelas e Figuras:

Tabela 1. Características ambientais e bióticas das cinco lagoas estudadas (n = 6; 3 na zona pelágica e 3 nos bancos de macrófitas emergentes nas margens). São apresentadas apenas as variáveis ambientais significativamente correlacionadas com a variação das comunidades de bactérias (valores médios; ver métodos).

	Ramalhete	Passo	Marcelino	Custódia	Cidreira
Coordenadas Geográficas	S 29°45.566 W 50°08.570	S 29°51.969 W 50°06.315	S 29°53.218 W 50°15.160	S 30°00.951 W 50°11.337	S 30°13.956 W 50°15.959
Profundidade Máxima da Lagoa (cm)	190	150	60	150	90
Sílica (mg.L-1)	9,57	7,37	12,73	0,88	5,35
Nitrogênio Amoniacal (mg.L-1)	0,13	0,11	0,05	0,32	0,22
Fósforo Reativo Solúvel (mg.L-1)	0,01	0,07	0,22	0,13	0,07
Carbono Inorgânico Dissolvido (mg.L-1)	2,67	4,24	30,81	9,20	2,22
Sólidos Suspensos Voláteis (mg.L-1)	8,83	5,83	18,67	36,83	7,67
Oxigênio Dissolvido (mg.L-1)	7,45	8,73	7,00	8,40	7,35
Temperatura da Água (°C)	23,13	25,60	25,47	25,35	27,05
Riqueza de OTU's no bacterioplâncton	194	135	78	67	111
Riqueza de OTU's no perifíton	266	164	165	298	375

Tabela 2. Importância relativa do ambiente puro (E), espaço puro (S) e as frações compartilhadas (E + S) na variação das assembleias bacterianas, expressa como valores de R² canônicos ajustados, considerando o conjunto de dados total e separadamente para

as assembléias planctônicas e perifíticas. As frações significativas são indicadas com asteriscos.

	Bacteria Total (n=30)	Bactérias Planctônicas (n=15)	Bactérias Perifíticas (n=15)
Ambiente puro (A)	0.216**	0.091*	0.419**
Espaço Puro (E)	0.180**	0.066	0.088*
E + S	0.192	0.592	0.065
Não explicado	0.412	0.251	0.428
Ambiente selecionado	cloA, prof, transp, SSV	DIC, SSV, transp	prof, cloA, cond
MEM's selecionado	1, 3, 5, 6, 12, 24, 27, 28, 29	1, 2, 9, 14	6, 14

cloA: clorofila a; transp: transparência; DIC: Carbono inorgânico dissolvido; SSV: sólidos suspensos voláteis; prof: profundidade máxima da lagoa; cond: condutividade.

p < 0.05, **p < 0.001

Figura 1: Índices de diversidade de Shannon (A) e Simpson (B) comparando ambas as comunidades quanto à sua riqueza e diversidade bacteriana. Os círculos representam os

pontos fora da curva, as linhas escuras representam os desvios padrões e a barra preta a média dos dados obtidos.

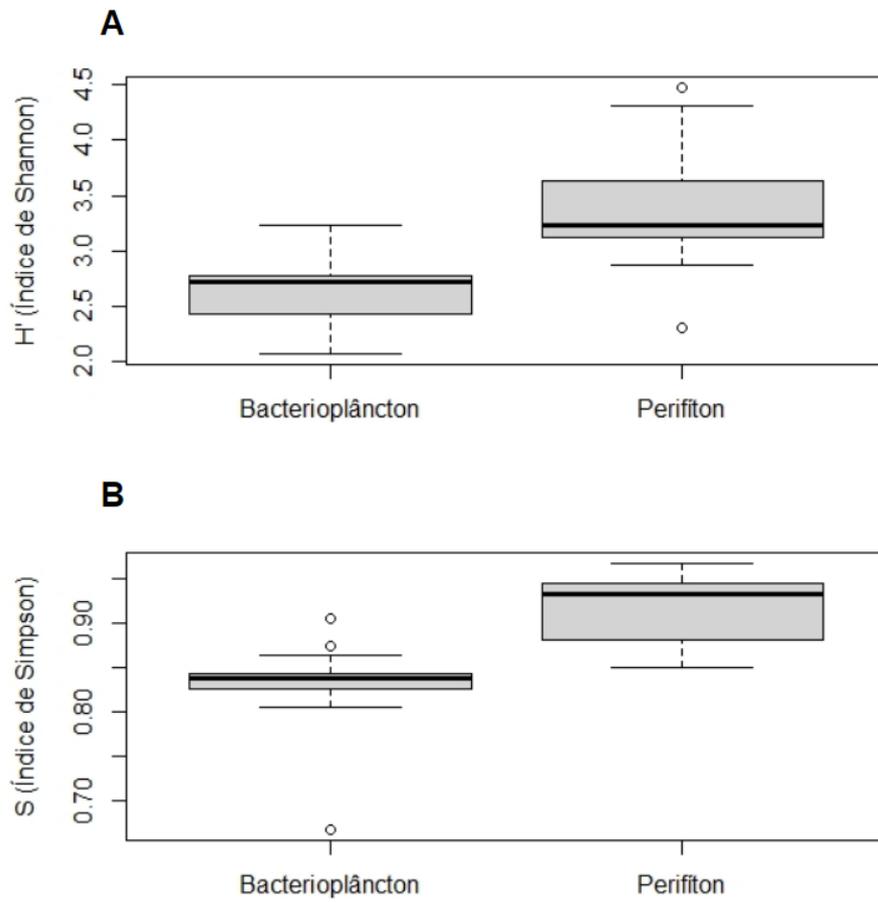


Figura 2: Abundância média relativa das OTUs, agrupadas em nível de classe, por lagoa e tipo de comunidade. “Outros” corresponde à soma das abundâncias das OTUs pertencentes às classes menos abundantes do que as representadas no gráfico.

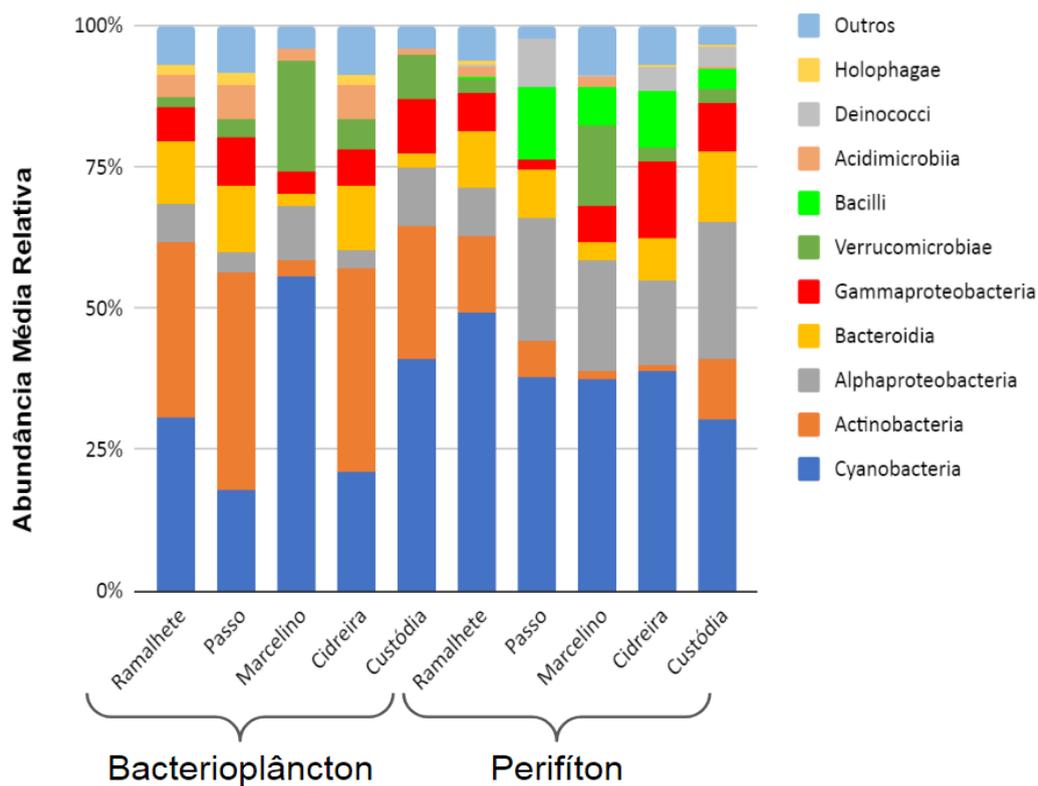


Figura 3: Representação da porcentagem de contribuição relativa do ambiente e do espaço sobre a comunidade bacteriana considerando o conjunto de dados total (A), no bacterioplâncton (B), e no perífíton (C).

