



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Análise comparativa da estrutura do bacterioplâncton e biofilmes em lagoas costeiras rasas do RS
Autor	ANA PAULA DA SILVA FERRERO
Orientador	LUCIANE OLIVEIRA CROSSETTI

Análise comparativa da estrutura do bacterioplâncton e biofilmes em lagoas costeiras rasas do RS.

Autor (a): Ana Paula da Silva Ferrero

Orientador (a): Luciane Oliveira Crossetti

Instituição: Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS

Introdução. Compreender como a comunidade bacteriana varia entre diferentes microhabitats em ecossistemas aquáticos é crucial, dado que as bactérias são responsáveis por processos ecológicos determinantes na manutenção destes ecossistemas. **Objetivo.** Aqui, utilizamos uma abordagem comparativa entre a comunidade bacteriana de vida livre (bacterioplâncton) e a de vida associada às macrófitas (biofilme) em um sistema de lagoas costeiras do RS, acessando as diferenças quanto à riqueza, diversidade, e resposta à variação ambiental. **Metodologia.** Coletas de água foram realizadas em 5 lagoas na região pelágica central (bacterioplâncton) e na região litorânea (biofilme). As amostras foram filtradas, o DNA extraído, amplificado (região V4 do gene 16S rRNA) e sequenciado (MiseqIllumina) seguindo os protocolos padrões. Análises bioinformáticas foram realizadas no programa QIIME2 gerando uma matriz biótica de abundância de OTUs (*Unidades Taxonômicas Operacionais*). Diferenças na composição bacteriana foram acessadas através da comparação da abundância média relativa das OTUs em nível de classe. Índices de diversidade (H' e Simpson) foram calculados e comparados através de gráficos boxplot. Por fim, uma Análise de Redundância (RDA) foi empregada para analisar a contribuição do ambiente (parâmetros da água) sobre a variação das OTUs em cada conjunto de dados. **Resultados.** A comunidade do biofilme apresentou maior riqueza (663 OTUs) e também maior diversidade considerando ambos os índices calculados, quando comparado à comunidade do bacterioplâncton (340 OTUs). *Cyanobacteria* e *Actinobacteria* foram às classes mais abundantes no bacterioplâncton, enquanto *Cyanobacteria* e *Alphaproteobacteriano* biofilme. A RDA mostrou que as duas comunidades foram influenciadas diferentemente pela variação ambiental, sendo as variáveis mais importantes para o bacterioplâncton o SSV (sólidos suspensos voláteis) e a transparência da água, e o POC (carbono orgânico particulado) e a profundidade para o biofilme. **Discussão.** Os resultados indicam uma adaptação ambiental das OTUs presentes em cada comunidade e a atuação de diferentes filtros ambientais em cada microhabitat.