



**REENCONTROS
NOVOS ESPAÇOS
OPORTUNIDADES**

XXXIV SIC Salão Iniciação Científica

**26 - 30
SETEMBRO
CAMPUS CENTRO**

Evento	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2022
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Comparação taxonômica e funcional de bactérias marinhas e dulcícolas através de metagenômica
Autor	NÁTALI KEGLER PIVATO GONÇALVES
Orientador	NG HAIG THEY

COMPARAÇÃO TAXONÔMICA E FUNCIONAL DE BACTÉRIAS MARINHAS E DULCÍCOLAS ATRAVÉS DE METAGENÔMICA

Nátali Kegler Pivato Gonçalves (Bolsista BIC UFRGS 2021-2022)
Prof. Ng Haig They (Orientador)

Justificativa: A salinidade é um fator determinante na composição taxonômica de comunidades bacterianas, havendo uma diferença marcante entre ambientes marinhos e de água doce. Além disso, existe um gradiente de atividade entre bactérias dulcícolas e salinas que pode ocorrer devido a características intrínsecas desses organismos ou à diferença de disponibilidade de nutrientes entre os ambientes. Com o crescimento de informações em bancos de dados de metagenômica é possível investigar a primeira hipótese a nível genotípico (presença de genes ou atividade potencial) com amostras de diferentes locais para verificar se há um padrão consistente de genes funcionais entre as comunidades bacterianas de diferentes salinidades. **Objetivo:** Verificar se existem diferenças na composição de filós bacterianos e de genes funcionais entre comunidades bacterianas dulcícolas e salinas de banco de dado de metagenômica. **Metodologia:** Foram selecionadas 4 amostras de cada salinidade do banco de dados MGnify (<https://www.ebi.ac.uk/metagenomics/>). Suas composições (taxonômica e funcional) foram analisadas no RStudio considerando os 10 filós/genes mais abundantes. Diferenças entre amostras de água doce e marinha foram testadas através de Análise Permutacional Variância Multivariada (PERMANOVA) e os padrões foram analisados de maneira exploratória através Análise de Componentes Principais (PCA). **Resultados:** A PERMANOVA não apontou diferenças em nível de filo (Pseudo-F = 1,39; P = 0,245) ou de genes funcionais (Pseudo-F = 1,30; P = 0,157) entre as salinidades. A ACP (CP1 = 40,4% e CP2 = 24,4%) com os filós bacterianos indicou uma maior variabilidade das amostras de água doce. A composição de filós apresentou uma tendência esperada, com maior representatividade de Bacteroidetes, Cianobacteria, Actinobacteria em água doce e Nitrospinae e Proteobacteria em amostras marinhas. A ACP com os genes funcionais (CP1 = 28,3% e CP2 = 22,8%) indicou grande variabilidade das amostras tanto de água doce quanto marinhas, sem uma clara distinção de composição de genes mais representativos.

Palavras chave: bactérias, metagenomas, funcional, taxonômica, atividade bacteriana.
