



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

Microbioma associado



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ANÁLISE METAGENÔMICA DE SOLOS DEGRADADOS DA CAATINGA

Andreza de Freitas Nunes Oliveira^{1*}; Lara Andrade Lucena Lima¹; Joel Vidal dos Santos; Paulo Rafael Cardoso de Sousa¹; Walderly Melgaço Bezerra²; Vânia Maria Maciel Melo¹

¹Universidade Federal do Ceará. ²Fresenius Kabi. *andreza.freitasn@gmail.com

Cerca de 24% do solo global é considerado degradado, sendo a maioria deles encontrados em áreas áridas, semiáridas e subúmidas. O estado do Ceará é fortemente ameaçado pela baixa disponibilidade hídrica e pelo longo período de seca que, associados à intensa ação antrópica, aceleram o processo de desertificação. Apesar disso, estudos que buscam entender como a desertificação afeta a diversidade e a comunidade de microrganismos dos solos dessa região recebem, ainda, pouca atenção. O objetivo do estudo foi analisar o microbioma dos solos da caatinga em 3 diferentes situações: natural, desertificado e em área de pousio (processo de recuperação natural há 18 anos), no município de Irauçuba-CE no ano de 2015. Os solos foram coletados a uma profundidade de 0-20 cm, as amostras foram submetidas à extração de DNA e sequenciamento de nova geração na plataforma Illumina MiSeq e os resultados analisadas quanto à diversidade e estrutura das comunidades microbianas. A maioria dos descritores de diversidade apontaram uma maior diversidade nas áreas nativas seguidas das áreas de exclusão e de desertificação demonstrando o impacto da desertificação sobre a diversidade microbiana e a viabilidade da recuperação. A análise da diversidade beta apontou diferenças entre as três áreas, que exibiram diferentes tendências na distribuição e estabelecimento da comunidade microbiana indicando que a inserção de exclusões em áreas desertificadas na Caatinga teve, a longo prazo, impactos positivos para o microbioma do solo. A composição e abundância relativa dos táxons encontrados confirmou a distinção entre as áreas. A análise dos dados obtidos destacou a predominância do Filo Actinobacteria nos três habitats. O filo Proteobacteria (representado predominantemente pela classe Alphaproteobacteria) foi o segundo filo mais abundante nas áreas naturais, contrastando com as áreas de pousio e desérticas, nas quais observa-se predominância do filo Chloroflexi, além da presença do filo candidato WPS-2. Desta maneira, o estudo nos permite um maior entendimento acerca do comportamento das comunidades microbianas frente à desertificação, podendo nos ajudar a prever e lidar com a sua expansão.

Palavras-chave: desertificação; microbioma; sequenciamento massivo

Agradecimentos: CNPq