



**REENCONTROS  
NOVOS ESPAÇOS  
OPORTUNIDADES**

**XXXIV SIC** Salão Iniciação Científica

**26 - 30  
SETEMBRO  
CAMPUS CENTRO**

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2022
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Análise comparativa da estrutura de assembleias de bactérias planctônicas e perifíticas em um sistema de lagoas costeiras rasas
<b>Autor</b>	ANA PAULA DA SILVA FERRERO
<b>Orientador</b>	LUCIANE OLIVEIRA CROSSETTI

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

Autor (a): Ana Paula da Silva Ferrero

Orientador (a): Luciane Oliveira Crossetti

Instituição: Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS

### **Resumo**

**Justificativa.** 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. **Objetivo.** Assim, 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. **Metodologia.** Foram realizadas coletas de água de cinco lagoas costeiras do litoral norte e médio do RS, nas regiões pelágica central (bacterioplâncton) e litorânea (biofilme). Amostras de DNA foram extraídas, sequenciadas e submetidas à PCR para amplificação da região V2 do gene bacteriano 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. Índices de diversidade ( $H'$  e Simpson) foram calculados e comparados através de gráficos boxplot. Uma Análise de Redundância (RDA) foi utilizada para determinar a contribuição do espaço e do ambiente. **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 as classes mais abundantes no bacterioplâncton, enquanto *Cyanobacteria* e *Alphaproteobacteria* foram mais abundantes no biofilme. A RDA mostrou que as comunidades perifíticas foram influenciadas puramente pelo ambiente, enquanto que, para o bacterioplâncton, as frações ambientais e espaciais de forma compartilhada explicam boa parte da variação encontrada. **Conclusão.** As condições ambientais associadas ao espaço possuem grande importância para as bactérias aquáticas e nossos resultados indicam uma adaptação ambiental das OTUs e atuação de diferentes filtros ambientais em cada microhabitat. Assim, estudos que contemplem a região subtropical são primordiais para compreender ainda mais esses microrganismos.