

Análise de comunidades por meio de técnicas baseadas em biologia molecular tem revolucionado os estudos em ecologia microbiana. Tais técnicas permitem quantificar a diversidade e testar hipóteses ligadas a processos e funções desempenhadas pelos microrganismos. Entretanto, em um ambiente como o solo, que abriga as mais diversas populações de microrganismos de ambientes terrestres, um número amostral adequado é de vital importância para a obtenção de resultados confiáveis. O objetivo deste estudo foi demonstrar que o uso de pequenas amostragens pode revelar resultados que comprometem as conclusões obtidas. Para a comprovação da hipótese aqui levantada, foi utilizado um banco de dados composto por 73.159 seqüências do gene 16S obtidas de uma única amostra de solo. Inicialmente, seqüências com baixa qualidade foram removidas do banco de dados e após a eliminação destas, foram feitas amostragens aleatórias para simular comunidades microbianas hipotéticas fruto da amostragem de 500, 1.000, 5.000, 10.000 e 20.000 seqüências em um mesmo ambiente. Os cinco arquivos obtidos foram comparados entre si utilizando Análise de Coordenadas Principais (ACP) implementada na ferramenta on-line UniFrac. Observou-se que as amostras que continham 500, 1.000 e 5.000 seqüências apresentaram comunidades distintas tanto com relação as espécies presentes em cada amostra (APC - qualitativo) quanto com relação ao número de indivíduos da mesma espécie (APC - quantitativo). Entretanto, as amostras que continham 10.000 e 20.000 seqüências apresentaram comunidades com alta similaridade. Os resultados obtidos corroboraram a hipótese de que amostragens pequenas podem gerar resultados distintos na comparação entre comunidades microbianas. Para o ambiente analisado, foi possível a obtenção de resultados satisfatórios com aproximadamente 10.000 seqüências ou mais