

**ID TRABALHO:** 204/3152-0

**ÁREA DO TRABALHO:** MICROBIOLOGIA DO SOLO

**TÍTULO DO TRABALHO:** Composição E Diversidade De Bacteria E Archaea Em Solos De Campina Amazônicos Por Análise Metabarcoding

**AUTORES:** Anderson Nogueira Barbosa, Thiago Fernandes Sousa, Joelma Dos Santos Fernandes, Aretha Franklin Guimarães, William Ernest Magnusson, Gilvan Ferreira Da Silva

**INSTITUIÇÃO:** UFAM, EMBRAPA, INPA

## RESUMO:

Solos de campina amazônicos, caracterizados por baixa fertilidade, acidez elevada e severas restrições físico-químicas, configuram ambientes edáficos extremos capazes de moldar comunidades microbianas singulares. Apesar de sua relevância ecológica, a diversidade de Bacteria e Archaea nesses sistemas permanece pouco explorada. Este estudo teve como objetivo caracterizar a composição e diversidade de comunidades de Bacteria e Archaea em solos de campina por meio de análise metabarcoding utilizando primers específicos para o gene 16S rRNA de cada domínio. Um total de 12 amostras de solo de campina foi coletado sob condições assépticas de 04 pontos da Reserva de Desenvolvimento Sustentável (RDS) do Rio Negro no Amazonas, seguido de extração do DNA total, amplificação da região 16S rRNA e sequenciamento via plataforma Oxford Nanopore. As leituras foram submetidas a controle de qualidade e alinhamento ao banco de dados de RNA ribossomal 16S do National Center for Biotechnology Information (NCBI) utilizando a ferramenta BLASTn. A composição e diversidade de Bacteria e Archaea foram inferidas a partir dos perfis de abundância gerados após alinhamento utilizando do programa R versão 4.5.0. Para o domínio Bacteria um total de 8.439 leituras foi classificado em 20 filos e 394 gêneros bacterianos distintos. A comunidade bacteriana foi dominada pelos filos Planctomycetota (60,00%), Acidobacteriota (19,47%) e Pseudomonadota (13,29%), refletindo um perfil típico de ambientes oligotróficos. Os gêneros Aquisphaera (15,91%), Fimbriiglobus (11,06%) e Telmatocola (8,45%) se apresentaram como os mais abundantes. Foram obtidas 6.365 leituras do domínio Archaea, distribuídas em 04 filos e 31 gêneros. O filo Methanobacteriota foi predominante (84,79%), seguido por Thermoproteota (12 %) e Methanobacteriota (3,20%). Entre os gêneros, destacou-se Methanomassiliicoccus (83,73%), arqueia metanogênica amplamente distribuída em solos pobres em nutrientes, além de Nitrososphaera (7,57%) e Nitrosopumilus (1,56%), ambos pertencentes a linhagens amonioxidantes. A diversidade ao nível de gênero foi maior em Bacteria (Shannon: 3,50 $\pm$ 0,18; Simpson: 0,93 $\pm$ 0,02) em relação a Archaea (Shannon: 0,73 $\pm$ 0,06; Simpson: 0,30 $\pm$ 0,04). No domínio Archaea, os baixos valores obtidos para os índices de diversidade refletem principalmente a presença de

poucos táxons e a forte dominância do gênero *Methanomassiliicoccus*, enquanto a comunidade bacteriana apresentou maior complexidade taxonômica, tanto em composição quanto em abundância, refletindo em valores de diversidade superiores. Os resultados mostram que a composição dos solos de campina amazônica, inferida a partir da região 16S rRNA, apresenta poucos grupos dominantes, com baixa diversidade no domínio Archaea e maior complexidade em Bacteria. Essa composição indica um sistema funcional sustentado por microrganismos com metabolismo especializado na ciclagem de carbono e nitrogênio, operando sob restrições edáficas severas. A predominância de táxons específicos sugere uma comunidade estável, porém filtrada por pressões ambientais típicas de ambientes extremos.

Palavras-chave: Amazônia, Solo, Campina, Metabarcoding, 16S rRNA

Agradecimentos: Os autores agradecem a FAPEAM e CNPq pelo apoio financeiro.

Financiamento: Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro (Processo nº: 445406/2024-0/CNPq Edital Pró-Amazônia).