



XIII Congresso de ECOLOGIA

III International Symposium of Ecology and Evolution

Múltiplas ecologias: evolução e diversidade

08 a 12 de outubro de 2017 • UFV - VIÇOSA | MG

PARTIÇÃO DA DIVERSIDADE BETA EM BACTÉRIAS AQUÁTICAS

Erick Mateus Barros^{13*}, Aylan Kener Meneghini¹, Inessa Lacativa Bagatini², Armando Augusto Henriques Vieira², Hugo Sarmento¹

1. Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos, Departamento de Hidrobiologia, UFSCar, São Carlos, Brasil; 2. Laboratório de Ficologia, Departamento de Botânica, UFSCar, São Carlos, Brasil. 3. Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais – PPGERN, UFSCar, São Carlos, Brasil.
*Correspondência para erickmbarros@gmail.com

Tema/Meio de Apresentação: Biogeografia/Pôster

As bactérias estão presentes em todos os ecossistemas, graças a uma grande capacidade de dispersão e diversidade metabólica. A teoria de que microrganismos não seriam contidos por barreiras geográficas, mas que as mudanças na diversidade ocorreriam apenas por seleção ambiental só pôde ser superada graças recentes técnicas de sequenciamento massivo, capazes de identificar a real diversidade destes organismos, permitindo assim identificar padrões de diversidade similares aos observados para macrorganismos. No entanto, os mecanismos que explicam esses padrões biogeográficos de bactérias foram ainda pouco explorados. O objetivo desse trabalho foi determinar qual dos componentes da diversidade beta predomina em bactérias aquáticas (aninhamento - *nestedness* ou substituição - *turnover*), e como estes se relacionam com a diversidade alfa. Para tal, sequenciamos a região V3-V4 do gene 16S rRNA de comunidades bacterianas de 13 lagoas distribuídas pelo estado de São Paulo (todas elas muito próximas das respectivas nascentes), e analisamos a diversidade alfa e os componentes da diversidade beta. Observamos uma relação negativa entre a diversidade beta e alfa ($p < 0.001$), mas não com a equitabilidade. Os processos de substituição predominaram em detrimento do aninhamento, e foram negativamente correlacionados com a diversidade alfa ($p < 0.05$). Os nossos resultados indicam que nos sistemas aquáticos de cabeceira, onde a seleção ambiental é limitada, comunidades mais diversas são mais parecidas entre si, provavelmente porque são fortemente influenciados por carregamento de microrganismos alóctones oriundos de ecossistemas terrestres. Por outro lado, lagoas com menor diversidade possivelmente com maior seleção ambiental são as que mais contribuem para a diversidade beta. Concluímos que as comunidades bacterianas analisadas são influenciadas de forma complementar por padrões geográficos e de seleção ambiental e que, nesses locais, processos de substituição são predominantes, como seria de esperar para organismos de elevada capacidade de dispersão, contribuindo de forma particularmente importante em locais com menor diversidade.

Agradecemos à FAPESP (Processos: 2014/14139-3 e 2013/18083-0) e CAPES pelo apoio financeiro.