



PRIMEIROS PASSOS PARA A AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE MICROBIANA EM RIACHOS DA BACIA DO ARAGUAIA POR eDNA METABARCODING

Karen Vargas-Garzon¹, Cíntia P. Targueta¹, Carmen E. Barragán-Ruiz¹, Fabrício Barreto Teresa², Mariana Pires de Campos Telles^{1,3}

¹ Universidade Federal de Goiás, Instituto de Ciências Biológicas, Goiânia, Goiás, Brasil

² Universidade Estadual de Goiás, Campus Central, Anápolis, Brasil

³ Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Escola de Ciências Médicas e da Vida, Goiânia, Goiás, Brasil

E-mail: karen2212vargas@gmail.com

A bacia Tocantins-Araguaia constitui um mosaico hidrológico no Centro-Oeste brasileiro, com variações em regime de cheias, vazão, temperatura e conectividade entre diversos afluentes. Os riachos abrigam uma grande diversidade de espécies, muitas com distribuição restrita. Além disso, funcionam como corredores ecológicos e fontes de água para agricultura, pecuária e outras atividades humanas. As comunidades de microrganismos nos riachos são sensíveis às mudanças ambientais e respondem às alterações no entorno. Nesse contexto, avaliamos 57 riachos da bacia do rio Araguaia utilizando abordagens de DNA ambiental (eDNA) e *metabarcoding*, para analisar a variação da diversidade das comunidades de microrganismos (procariotos e eucariotos) em resposta às mudanças no uso do solo e variáveis como pH, temperatura, oxigênio dissolvido e turbidez. As amostras de água foram coletadas de junho a agosto de 2024 na bacia do Araguaia, usando o sistema de filtração fechada de filtros Sterivex com membranas de 0.45 µm. O DNA foi extraído utilizando o kit *DNeasy Blood and Tissue* da Qiagen com modificações. Os amplicons foram obtidos a partir de *primers* universais contendo adaptadores Illumina para amplificação das regiões 16S e 18S rDNA e reagentes do kit Qiagen Master Mix PCR. As reações de PCR foram padronizadas utilizando 4 riachos além da inclusão de controles negativos de extração. As demais 53 amostras seguiram o protocolo padronizado. O sequenciamento foi realizado na plataforma MiSeq Illumina com o reagente MiSeq v3 (600 ciclos). Para a região 16S e 18S foram obtidos fragmentos de 600 pb e 550 pb respectivamente. Com o resultado do sequenciamento será possível acessar as ASVs de cada grupo e confrontar as sequências em banco de dados para identificação taxonômica e cálculo de diversidade entre riachos. Dessa forma, será possível acessar a diversidade α e β das comunidades e associar a fatores ambientais específicos de cada riacho da bacia.

Palavras-chave: Comunidades microbianas; impacto antropogênico; biomonitoramento

Financiamento: Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT-EECBio - CNPq – Processo: 409197/2024-6). Ao programa “Araguaia Vivo 2030”, executado pela *Tropical Water Research Alliance (TWRA)* e financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG) (proc. n.º



202210267000536)” e do PPBio Araguaia: Ecologia Molecular e Dimensões da Biodiversidade, financiado pelo CNPq (proc.: 441114/2023-7). Ao programa CAPES (proc. n.º 88887.233914/2025-00)