



PROD. TEC. ITV DS - N007/2021  
DOI 10.29223/PROD.TEC.ITV.DS.2021.07.Oliveira

RELATÓRIO TÉCNICO ITV DS

**ESTRUTURA E DIVERSIDADE TAXONÔMICA DAS  
COMUNIDADES MICROBIANAS EM CAVIDADES  
FERRUGINOSAS DA FLONA DE CARAJÁS**

RELATÓRIO FINAL DO PROJETO

Amanda Manuely da Silva Oliveira  
Gisele Lopes Nunes  
José Augusto Pires Bitencourt

Belém / PA

Abril / 2021

<b>Título:</b> Estrutura e diversidade taxonômica das comunidades microbianas em cavidades ferruginosas da Flona de Carajás	
<b>PROD. TEC. ITV DS - N007/2021</b>	<b>Revisão 00</b>
<b>Classificação:</b> ( ) Confidencial ( ) Restrita (x) Uso Interno ( ) Pública	

**Informações Confidenciais** - Informações estratégicas para o Instituto e sua Mantenedora. Seu manuseio é restrito a usuários previamente autorizados pelo Gestor da Informação.

**Informações Restritas** - Informação cujo conhecimento, manuseio e controle de acesso devem estar limitados a um grupo restrito de empregados que necessitam utilizá-la para exercer suas atividades profissionais.

**Informações de Uso Interno** - São informações destinadas à utilização interna por empregados e prestadores de serviço

**Informações Públicas** - Informações que podem ser distribuídas ao público externo, o que, usualmente, é feito através dos canais corporativos apropriados

**Citar como...** OLIVEIRA, Amanda Manuely da Silva; NUNES, Gisele Lopes; BITENCOURT, José Augusto Pires. **Estrutura e diversidade taxonômica das comunidades microbianas em cavidades ferruginosas da Flona de Carajás.** Belém: ITV, 2021. (Relatório Técnico – N007/2021)

### Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

---

O48 Oliveira, Amanda Manuely da Silva  
 Estrutura e diversidade taxonômica das comunidades microbianas em cavidades ferruginosas da Flona de Carajás / Amanda Manuely da Silva Oliveira, Gisele Lopes, José Augusto Pires Bitencourt – Belém, 2021.  
 113 f. : il.

Relatório Técnico - Instituto Tecnológico Vale, 2021.  
 PROD. TEC. ITV DS - N007/2021  
 DOI 10.29223/PROD.TEC.ITV.DS.2021.07.Oliveira

1. Taxonomia - Estrutura. 2. Taxonomia - Diversidade. 3. Microbiologia. 4. Cavidades ferruginosas. I. Nunes, Gisele Lopes. II. Bitencourt, José Augusto Pires. III. Título

CDD 23. ed. 581.46098115

---

Bibliotecária responsável: Nisa Gonçalves / CRB 2 – 525

## RESUMO

A Floresta Nacional (FLONA) de Carajás, localizada no sudeste do Pará, é considerada um ecossistema único devido a sua grande biodiversidade e alta quantidade de cavidades naturais subterrâneas em formação ferrífera. Essas cavidades possuem propriedades particulares como temperatura anual estável, baixa circulação de ar, elevada umidade relativa, concentrações consideráveis de guano, alto teor de metais e são consideradas oligotróficas. Estas características podem influenciar significativamente a estrutura e dinâmica das comunidades microbianas associadas a estes ambientes. Desta forma, o presente trabalho realizou o levantamento da diversidade taxonômica e investigou a estrutura das comunidades microbianas presentes em cavernas de ferro da FLONA de Carajás, utilizando abordagem de *metabarcoding* 16S rRNA. Para isso, o DNA ambiental foi extraído de amostras de solo de nove cavidades, em diferentes zonas de iluminação (fóticas, semi-fóticas e afóticas) e diferentes estações (secas e chuvosas); bibliotecas de DNA foram construídas para o gene 16S rRNA e sequenciadas com a plataforma Illumina. De acordo com os resultados, observou-se que 47% das OTUs geradas foram identificadas taxonomicamente até o nível de gênero, quando possível. Apesar da diversidade entre as cavidades ser heterogênea, os filos Actinobacteria, Proteobacteria e Acidobacteria foram os mais abundantes, sendo os gêneros mais frequentes *Actinomadura*, *Mycobacterium*, *Bradyrhizobium* e *Burkholderia*. A análise da diversidade alfa (dentro de uma mesma cavidade) não indicou diferenças significativas quanto a diversidade entre às zonas de iluminação, entretanto os resultados apontam diferenças significativas quanto a diversidade nas diferentes estações. A análise beta diversidade (entre cavidades) não indicou variações significativas na composição de táxons entre as zonas, estações e entre os demais atributos físicos das cavernas. Em relação ao potencial funcional, as cavidades possivelmente apresentam uma dinâmica quimiotrófica, utilizando como provável fonte de energia e carbono o guano e material orgânico alóctone com raízes. Desta forma, as cavernas ferruginosas amostradas são fontes potenciais de novos táxons, possuem microrganismos que podem participar de processos ligados a fixação de nitrogênio, processo de crescimento vegetal, remineralização de guano e ciclo do ferro. No geral, as cavernas estudadas possuem uma comunidade microbiana estável, entretanto, os dados sugerem que o ambiente interno de cada cavidade suporta redes de interação entre os microrganismos considerando as distintas zonas de iluminação. Para fins de aplicabilidade, este trabalho colabora de forma significativa para preenchimento das lacunas de informações sobre a biodiversidade microbiana de cavernas brasileiras associadas a minério de ferro, podendo estes resultados ser agregados a projetos de manejo e conservação de ambientes cavernícolas, a partir de um ângulo microbiológico.

**Palavras-chave:** *Metabarcoding*, Diversidade Microbiana, Cavidades Ferruginosas, Carajás.

## ABSTRACT

The Carajás National Forest (FLONA), located in southeastern Pará, is considered a unique ecosystem due to its extraordinary biodiversity and high amount of natural underground cavities in the iron formation. These cavities have particular properties such as stable annual temperature, low air circulation, high relative humidity, high concentration of guano, high content of metals, and be oligotrophic. These characteristics can significantly influence the structure and dynamics of the microbial communities associated with these environments. Thus, the present work surveyed the taxonomic diversity and investigated the microbial communities' structure present in iron caves of the FLONA de Carajás, using the metabarcoding 16S rRNA approach. For this, the environmental DNA was extracted from soil samples of nine cavities in different lighting zones (photic, semi-photic, and aphotic) and different seasons (dry and rainy); DNA libraries were built for the 16S rRNA gene and sequenced with the Illumina platform. According to the results, it was observed 47% of formed OTUs were taxonomically identified up to the level of genus, when possible. Despite the diversity between the cavities being heterogeneous, the phyla Actinobacteria, Proteobacteria, and Acidobacteria were the most abundant, being the most frequent genera *Actinomadura*, *Mycobacterium*, *Bradyrhizobium*, and *Burkholderia*. The alpha diversity analysis (within the same cavity) did not indicate significant differences in diversity between lighting zones. However, the results point out significant differences in diversity between seasons. The beta diversity analysis (between cavities) did not indicate significant variations in taxa composition between lighting zones, stations, and other caves' physical attributes. Regarding the functional potential, the cavities possibly have chemotrophic dynamics, using as a probable source of energy and carbon guano and allochthonous organic material with roots. Thus, the ferruginous caves sampled are potential sources of new taxa and have microorganisms that can participate in processes linked to nitrogen fixation, plant growth process, and the remineralization of the guano and iron cycle. In general, the caves studied have a stable microbial community. However, the data suggest that each cavity's internal environment supports networks between the microorganisms considering the different lighting zones. For applicability purposes, this work collaborates significantly to supply the information gaps on Brazilian caves' microbial biodiversity associated with iron ore. These results could be added to projects of management and conservation of cave from a microbiological perspective.

**Key-words:** *Metabarcoding*, Microbial Diversity, Ferruginous Cavities, Carajas.